

This Page Is Inserted by IFW Operations
and is not a part of the Official Record

BEST AVAILABLE IMAGES

Defective images within this document are accurate representations of the original documents submitted by the applicant.

Defects in the images may include (but are not limited to):

- BLACK BORDERS
- TEXT CUT OFF AT TOP, BOTTOM OR SIDES
- FADED TEXT
- ILLEGIBLE TEXT
- SKEWED/SLANTED IMAGES
- COLORED PHOTOS
- BLACK OR VERY BLACK AND WHITE DARK PHOTOS
- GRAY SCALE DOCUMENTS

IMAGES ARE BEST AVAILABLE COPY.

**As rescanning documents *will not* correct images,
please do not report the images to the
Image Problem Mailbox.**



BREVET D'INVENTION

CERTIFICAT D'UTILITÉ - CERTIFICAT D'ADDITION

COPIE OFFICIELLE

Le Directeur général de l'Institut national de la propriété industrielle certifie que le document ci-annexé est la copie certifiée conforme d'une demande de titre de propriété industrielle déposée à l'Institut.

Fait à Paris, le **05 JUIL. 2004**

Pour le Directeur général de l'Institut
national de la propriété industrielle
Le Chef du Département des brevets

Martine PLANCHE

INSTITUT
NATIONAL DE
LA PROPRIÉTÉ
INDUSTRIELLE

SIEGE
26 bis, rue de Saint-Petersbourg
75800 PARIS cedex 08
Téléphone : 33 (0)1 53 04 53 04
Télécopie : 33 (0)1 53 04 45 23
www.inpi.fr

REQUÊTE EN DÉLIVRANCE

Confirmation d'un dépôt par télécopie ☐

Cet imprimé est à remplir à l'encre noire en lettres capitales

26 bis, rue de Saint Pétersbourg .
75800 Paris Cedex 08
Téléphone : 01 53 04 53 04 Télécopie : 01 42 93 59 30

Réservé à l'INPI

DATE DE REMISE DES PIÈCES
N° D'ENREGISTREMENT NATIONAL **23 JUN 1998**
DÉPARTEMENT DE DÉPÔT **98 07920 -**
DATE DE DÉPÔT **23 JUN 1998**

1 NOM ET ADRESSE DU DEMANDEUR OU DU MANDATAIRE,
À QUI LA CORRESPONDANCE DOIT ÊTRE ADRESSÉE

CABINET ORES
6 avenue de Messine
75008 PARIS

2 DEMANDE Nature du titre de propriété industrielle

☒ brevet d'invention ☐ demande divisionnaire

☐ certificat d'utilité ☐ transformation d'une demande de brevet européen

☒ demande initiale

☐ brevet d'invention

n° du pouvoir permanent : références du correspondant
BLOcp598/21FR

date

Établissement du rapport de recherche

☐ différé ☒ immédiat

Le demandeur, personne physique, requiert le paiement échelonné de la redevance

☐ oui ☐ non

Titre de l'invention (200 caractères maximum)

**FAMILLE DE SEQUENCES NUCLEIQUES ET DE SEQUENCES PROTEIQUES DEDUITES
PRESENTANT DES MOTIFS RETROVIRAUX ENDOGENES HUMAINS ET LEURS
APPLICATIONS.**

3 DEMANDEUR (S) n° SIREN code APE-NAF

Nom et prénoms (souligner le nom patronymique) ou dénomination

**INSTITUT NATIONAL DE LA SANTE ET DE LA RECHERCHE
MEDICALE-INSERM**

Forme juridique

Etablissement public

Nationalité (s) **française**

Adresse (s) complète (s)

101 rue de Tolbiac, 75654 PARIS Cedex 13

Pays

FRANCE

4 INVENTEUR (S) Les inventeurs sont les demandeurs

☐ oui ☒ non Si la réponse est non, fournir une désignation séparée

5 RÉDUCTION DU TAUX DES REDEVANCES

☐ requise pour la 1ère fois ☐ requise antérieurement au dépôt : joindre copie de la décision d'admission

6 DÉCLARATION DE PRIORITÉ OU REQUÊTE DU BÉNÉFICE DE LA DATE DE DÉPÔT D'UNE DEMANDE ANTÉRIEURE

pays d'origine

numéro

date de dépôt

nature de la demande

7 DMSIONS antérieures à la présente demande n°

date

n°

date

8 SIGNATURE DU DEMANDEUR OU DU MANDATAIRE
(nom et qualité du signataire - n° d'inscription)

Béatrice ORES
n° 92-4046

SIGNATURE DU PRÉPOSÉ À LA RÉCEPTION

SIGNATURE APRÈS ENREGISTREMENT DE LA DEMANDE À L'INPI

DÉSIGNATION DE L'INVENTEUR

(si le demandeur n'est pas l'inventeur ou l'unique inventeur)

DIVISION ADMINISTRATIVE DES BREVETS

26bis, rue de Saint-Petersbourg
75800 Paris Cédex 08
Tél. : 01 53 04 53 04 - Télécopie : 01 42 93 59 30

N° D'ENREGISTREMENT NATIONAL

98 07920

TITRE DE L'INVENTION :

FAMILLE DE SEQUENCES NUCLEIQUES ET DE SEQUENCES PROTEIQUES DEDUITES
PRESENTANT DES MOTIFS RETROVIRAUX ENDOGENES HUMAINS ET LEURS APPLICATIONS.

LE(S) SOUSSIGNÉ(S)

CABINET ORES
6, Avenue de Messine
75008 PARIS

DÉSIGNE(NT) EN TANT QU'INVENTEUR(S) (indiquer nom, prénoms, adresse et souligner le nom patronymique) :

ALLIEL Patrick M.

4, rue Lazare Carnot
92140 CLAMART (FRANCE)

PERIN Jean-Pierre

182, rue d'Aulnay
92350 LE PLESSIS-ROBINSON (FRANCE)

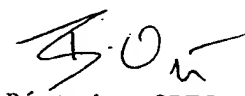
RIEGER François

38bis Boulevard de la République
92100 BOULOGNE (FRANCE)

NOTA : A titre exceptionnel, le nom de l'inventeur peut être suivi de celui de la société à laquelle il appartient (société d'appartenance) lorsque celle-ci est différente de la société déposante ou titulaire.

Date et signature (s) du (des) demandeur (s) ou du mandataire

Paris, le 21 Décembre 1998



Béatrice ORES
Mandataire
N° 92-4046

DOCUMENT COMPORTANT DES MODIFICATIONS

PAGE(S) DE LA DESCRIPTION OU DES REVENDECATIONS OU PLANCHE(S) DE DESSIN			R.M.*	DATE DE LA CORRESPONDANCE	TAMPON DATEUR DU CORRECTEUR
Modifiée(s)	Supprimée(s)	Ajoutée(s)			
6				R. 11.98	16 NOV. 1998 - SR
73 et 76			X	15.01.99	19 JAN. 1999 - SR
+ 73 à 76			X	22 NOV 99	EML - 08 FEV. 2002

Un changement apporté à la rédaction des revendications d'origine, sauf si celui-ci découle des dispositions de l'article R.612-36 du code de la Propriété Intellectuelle, est signalé par la mention «R.M.» (revendications modifiées).

Ref. 344 - 2/01/98



La présente invention est relative à une nouvelle famille de séquences nucléiques et de séquences protéiques déduites, qui présentent des motifs rétroviraux endogènes humains complets ou partiels.

L'invention est également relative à la détection et/ou à l'utilisation
5 desdites séquences nucléiques et desdites séquences protéiques correspondantes, dans le cadre d'applications diagnostiques, prophylactiques et thérapeutiques, en particulier pour des neuropathologies à composante autoimmune comme la sclérose en plaques.

L'invention concerne aussi l'obtention de sondes nucléiques double brins et simple brin anti-sens, de ribozymes, aptes à moduler la réplication virale (T.R.
10 Cech, Science, 1987, 236, 1532-1539 ; R.H. Symons, *Trends Biochem. Sci.*, 1989, 14, 445-450) des molécules recombinantes correspondantes, et des anticorps associés.

Les rétrovirus sont des virus qui se répliquent uniquement en utilisant la voie inverse du traitement classique de l'information génétique. Ce processus, nommé transcription inverse, est médié par une ADN polymérase ARN dépendante ou
15 transcriptase reverse, codée par le gène *pol*. Les rétrovirus codent aussi au minimum pour deux gènes additionnels. Le gène *gag* code pour les protéines du squelette, matrice, nucléocapside et capsid. Le gène *env* code pour les glycoprotéines d'enveloppe. La transcription rétrovirale est régulée par des régions promotrices ou "enhancers", situées dans des régions hautement répétées ou LTR (*Long Terminal Repeat*) et qui
20 sont présentes aux deux extrémités du génome rétroviral.

Lors de l'infection d'une cellule, la polymérase fait une copie ADN du génome ARN ; cette copie peut alors s'intégrer dans le génome humain. Les rétrovirus ne tuent pas les cellules qu'ils infectent, mais au contraire améliorent souvent leur rapidité de croissance. Les rétrovirus peuvent infecter des cellules germinales ou
25 des embryons à un stade précoce ; ils peuvent dans ces conditions, intégrer la lignée germinale et être transmis par transmission mendélienne verticale, ce qui constitue la relation la plus étroite entre un hôte et son parasite. Ces virus endogènes peuvent dégénérer au cours des générations de l'organisme hôte et perdre leurs propriétés initiales. Cependant certains d'entre eux peuvent conserver tout ou partie de leurs propriétés
30 ou des propriétés des motifs les composant, ou encore acquérir de nouvelles propriétés fonctionnelles présentant un avantage pour l'organisme hôte, ce qui expli-

querait la préservation de leur séquence.

L'existence de motifs endogènes présentant de longs cadres de lecture ouverts et/ou soumis à une forte pression de sélection peut donc être indicatrice d'une fonction biologique préservée ou acquise, qui peut correspondre à un bénéfice pour l'organisme hôte. Ces séquences rétrovirales peuvent aussi subir, au cours des générations, des modifications discrètes qui vont être à même de réveiller certaines de leurs potentialités et engendrer ou favoriser des processus pathologiques. Il est apparu récemment nécessaire de faire le bilan et d'identifier ces séquences afin de pouvoir évaluer leur impact fonctionnel.

Les séquences rétrovirales endogènes humaines ou HERVs représentent une part importante du génome humain. Ces régions rétrovirales se présentent sous plusieurs formes :

- des structures rétrovirales endogènes complètes associant des motifs *gag*, *pol* et *env*, flanqués de séquences nucléiques répétées, qui montrent une analogie significative avec la structure LTR-*gag-pol-env*-LTR des rétrovirus infectieux,
- des séquences rétrovirales tronquées ; par exemple, les rétrotransposons sont privés de leur domaine *env* et les rétroposons ne possèdent pas les régions *env* et LTR.

Jusqu'à présent l'étude de ces régions du génome a été négligée chez l'Homme pour deux raisons essentielles :

- l'existence d'insertions/délétions qui peuvent décaler le cadre de lecture et de mutations qui modifient la séquence. Ces modifications entraînent des altérations de la structure et par conséquent de la fonction biologique de ces motifs.
- l'absence d'associations avérées avec des pathologies humaines.

La connaissance, récente de fragments significativement représentatifs du génome humain et une orientation des recherches vers une étude structure/fonction des motifs rétroviraux endogènes, ont permis de préciser l'intérêt de ces régions. L'implication de séquences endogènes tronquées ou complètes dans des pathologies chez l'animal est documentée ; par exemple leur association avec des processus tumoraux a été clairement mise en évidence (S.K. Chattopadhyay et coll.,

1982, *Nature*, **295**, 25-31). Une recherche visant à préciser l'association ou l'influence des HERVs dans des pathologies humaines se justifie donc aujourd'hui.

Une classification des éléments HERV a été proposée (Tönjes R.R. et al., *AIDS & Hum. Retrovirol.*, 1996, **13**, S261-S267; A.M. Krieg et al., *FASEB J.*, 1992, **6**, 2537-2544). Elle est basée sur une homologie de ces séquences avec des rétrovirus isolés chez les animaux, à l'aide de sondes rétrovirales hétérologues. En effet, en général, les HERVs présentent relativement peu d'homologie avec des rétrovirus infectieux humains connus.

Les familles de classe I présentent une homologie de séquence avec les rétrovirus de mammifères de type C ; on peut citer notamment la superfamille ERI, proche du virus MuLV (*murine leukemia virus*) et du virus BaEV (*baboon endogenous virus*).

Les familles de classe II présentent une homologie de séquence avec les rétrovirus de mammifères de type B tel que le MMTV (*mouse mammary tumour virus*) ou les rétrovirus de type D tel que le SRV (*squirrel monkey retrovirus*).

D'autres familles ont également été décrites ; parmi celles-ci, on peut citer des HERVs qui présentent, de manière exceptionnelle, une homologie partielle avec HTLV-1 (RTVL-H) ou des virus de primates ; HRES-1, par exemple, présente une homologie de séquence avec des HTLVs.

Les programmes de très grand séquençage du génome humain permettent aujourd'hui de disposer d'un nombre significatif de nouvelles séquences rétrovirales. L'usage de logiciels de traitement de données permet d'identifier et d'analyser ces gènes. Dans ce contexte une recherche systématique portant sur l'ensemble des informations disponibles à ce jour a été engagée afin d'identifier de nouvelles séquences rétrovirales endogènes humaines en fonction de certains critères d'analyse :

- présence de longs cadres de lecture ouverts conservés au cours de l'évolution de l'organisme hôte et pouvant laisser envisager une fonction biologique,
- analogie avec des séquences déjà caractérisées en dehors ou dans le domaine des rétrovirus,

- localisation dans des régions de susceptibilité pour certaines pathologies ou à proximité de gènes essentiels, par exemple dans les domaine du cancer, des

régulation du système immunitaire ou dans certaines neuropathologies.

Les recherches effectuées par les Inventeurs, dans des bases de données de séquences leur ont permis d'identifier un ensemble de séquences ou de motifs rétroviraux endogènes dont l'expression normale ou pathologique peut favoriser ou
 5 perturber un effet protecteur vis-à-vis de processus pathologiques, ou intervenir dans le déclenchement ou l'aggravation de pathologies.

La présente invention a pour objet un fragment d'acide nucléique purifié, caractérisé en ce qu'il comprend tout ou partie d'une séquence codant pour une séquence rétrovirale endogène humaine, qui présente au moins des motifs rétroviraux
 10 de type *env*, répondant à la séquence SEQ ID NO:1 ou à une séquence présentant un niveau d'homologie avec ladite séquence SEQ ID NO:1 supérieur ou égal à 80% sur plus de 190 nucléotides ou supérieur ou égal à 70 % sur plus de 600 nucléotides pour les domaines de type *env*.

On entend par séquence homologue, aussi bien une séquence qui
 15 présente une identité complète ou partielle avec la séquence SEQ ID NO:1 précitée qu'une séquence qui présente une similarité partielle avec ladite séquence SEQ ID NO:1.

Selon un mode de réalisation avantageux dudit fragment, il présente à la fois des motifs rétroviraux correspondant à un domaine *env* et répondant à la
 20 séquence SEQ ID NO:1 et des motifs rétroviraux correspondant à un domaine *gag* et répondant à la séquence SEQ ID NO:2 ou à une séquence présentant un niveau d'homologie supérieur ou égal à 80 % sur plus de 190 nucléotides ou supérieur ou égal à 70 % sur plus de 600 nucléotides pour les domaines de type *env* et un niveau d'homologie supérieur ou égal à 90 % sur plus de 700 nucléotides ou supérieur ou
 25 égal à 70 % sur plus de 1200 nucléotides pour les domaines de type *gag*, lesquels motifs ne présentent aucune insertion ou délétion de plus de 200 nucléotides.

Lesdits fragments constituent une nouvelle famille de séquences rétrovirales endogènes humaines (famille HERV-7q) qui présente une homologie de séquence avec les rétrovirus MSRV, tels que décrits dans la Demande Internationale
 30 WO 97/06260 ; lesdits fragments selon la présente invention présentent :

- deux motifs nucléotidiques répétés de 711 pb (figure 3), présentant des signaux caractéristiques identifiés dans des LTRs (*Long Terminal Repeats*): promoteurs de transcription de type boîtes TATAA ou CCAAT. Ces domaines répétés encadrent trois motifs déduits de type-*gag*, *pol* et *env* (figure 2).

5 - un motif de type *env* (positions 6965 nt - 9550 nt sur la séquence SEQ ID NO :3) qui contient un long cadre de lecture ouvert de 1620 nucléotides (positions 7874-9493 de la séquence ID NO:3), codant pour une protéine de séquence inédite de 540 acides aminés (figure 4) et fragment souligné de la SEQ ID NO:27. On retrouve à l'intérieur du domaine trans-membranaire de ce domaine *env*, un motif
10 peptidique de type CKS-25/CKS-17 (fig.5), reconnu pour présenter des fonctions immunosuppressives sur les cellules lymphocytaires hôtes (M. Mitani et coll., 1987, *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, **84**, 237-240). Un domaine de type zinc-finger HX_3 .
 $4HX_{22-33}CX_2C$ (Kulkolski et coll., 1992, *Mol. Cell. Biol.*, **12**, 2331-2338), que l'on retrouve dans des domaines de type intégrase est identifié dans un autre cadre de
15 lecture. Ce domaine *env* particulier signe la caractéristique de nouveaux motifs rétro-viraux endogènes.

 - le motif (positions 3065 nt - 4390 nt sur la séquence SEQ ID NO:3) de type-*gag* codant pour des motifs protéiques selon la figure 6 (SEQ ID NO:51) (positions 3118-4198 de la SEQ ID NO:3) a été identifié grâce à des analogies avec
20 des domaines *gag* connus. On retrouve, par exemple, la région d'homologie majeure QX_3EX_7R (Benit et coll., 1997, *J. Virol.*, **71**, 5652-5657). Le motif de fixation des acides nucléiques $CX_2CX_{3-4}HX_4C$, situé en position C-terminale, est identifié dans un autre cadre de lecture (Covey et coll., 1986, *Nucleic Acids Res.*, **14**, 623-633). En amont du domaine *gag* on détecte un motif de 182 nucléotides répété deux fois (figure
25 1).

 - le domaine *pol* présente les consensus classiques d'une région *pol* de rétrovirus au niveau des domaines protéase, transcriptase reverse et RNase H. On retrouve dans *pol* un motif proche du consensus LLDTGA (Weber et coll., 1988, *Science*, **243**, 928-931). Les motifs D et AF, LPQ et SP, et YVDD (Xiong et
30 Eickbush, 1990, *EMBO J.*, **9**, 3353-3362), sont respectivement retrouvés dans les 3°, 4° et 5° boîtes d'homologie. Les motifs YTDGSS et TDS sont présents dans la région

de la RNase H,

- les régions *gag* et *pol* pourraient être considérées comme jointives avec un passage de la région *gag* à la région *pol* par un décalage du cadre de lecture.

La présente invention englobe les séquences appartenant à la famille
 5 HERV-7q telle que définie ci-dessus (présence de la séquence SEQ ID NO:1 ou d'une
 séquence homologue ou présence à la fois des séquences SEQ ID NO:1 et SEQ ID
 NO:2) et notamment les séquences SEQ ID NO:3-21 ; elle englobe également les
 séquences nucléiques complémentaires et les séquences inverses complémentaires des
 séquences précédentes ainsi que les fragments issus des régions codantes des
 10 séquences précédentes correspondant à un cadre glissant supérieur ou égal à 14
 nucléotides ou leurs séquences complémentaires. (SEQ ID NO :30-50)

Ces différents fragments peuvent avantageusement être utilisés
 comme amorces ou comme sondes ; ils s'hybrident spécifiquement à une séquence de
 la famille HERV-7q.

15 Parmi ces fragments, on peut citer, de préférence les fragments
 suivants:

- un fragment de 182 nucléotides répété deux fois, situé en amont du
 domaine *gag* aux positions 2502-2611/2613-2865 de la SEQ ID NO:3 ;

Amorces et sondes spécifiques de la région *gag*

20 - une amorce G1F, sens, localisée dans la région amont du domaine
gag de HERV-7q : 5' GGACCATAGAGGACACTCCAGGACTA 3'
 (SEQ ID NO:30);

- une amorce G1R, anti-sens, localisée dans la région 3' terminale du
 domaine *gag* : 5' CCTCAGTCCTGCTGCTGGATCATCT 3' (SEQ ID NO :31)

25 - le fragment de 1505 nt amplifié par le couple G1F-G1R est utilisé
 afin de générer les sondes aptes à hybrider les différents produits d'amplification des
 PCR ;

- une amorce G2F, sens nichée : (SEQ ID NO :32)

5' CCTCCAAGCAGTGGGAGGAAGAGAATT 3'

- une amorce G2R, anti-sens nichée : (SEQ ID NO :33)

5' CCTTCCCTGTGTTATTGTGGACATCATT 3'

- une amorce G4F, sens nichée : (SEQ ID NO :34)

5' GGAAGAAGTCTATGAATTATTCAATGATGT 3'

5

- une amorce G3F, sens nichée: (SEQ ID NO :35)

5' GGGACACAGAATCAGAACATGGAGATT 3'

- une amorce G4R, anti-sens nichée : (SEQ ID NO :36)

5' GCCTTCAGAAGAGTCAGGTGACAGAGA 3'

- une amorce G5R, anti-sens nichée : (SEQ ID NO :37)

10

5'GAGCCTCCAAAGTCCACTTGCCTGA 3'

Amorces et sondes spécifiques de la région env

- une amorce E1F, sens : (SEQ ID NO :38)

5' GATTTCAGTATCTACTAGTCTGGGTAGAT 3'

- une amorce E1R, anti-sens : (SEQ ID NO :39)

15

5' CTAGGAAATCCAGCTAGTCCTGTCTCA 3'

- le fragment de 2529 nt amplifié par le couple d'amorces E1F-E1R, est utilisé afin de générer les sondes aptes à hybrider les différents produits d'amplification des PCR.

- une amorce E2F, sens : (SEQ ID NO :40)

20

5' CCAAGACAGCCAACTTAGTTGCAGACAT 3'

- une amorce E2R, antisens : (SEQ ID NO :41)

5' GGACGCTGCATTCTCCATAGAAACTCTT 3'

- une amorce E3F, sens : (SEQ ID NO :42)

5' GCAATACTACATACACAACCAACTCCCAA 3'

25

- une amorce E3R, anti-sens : (SEQ ID NO :43)

5' GGGGGAGGCATATCCAACAGTTAGTA 3'

- une amorce E4F, sens : (SEQ ID NO :44)

5' CCATCTACACTGAACAAGATTTATACACTT 3'

- une amorce E4R, anti-sens : (SEQ ID NO :45)

30

5' AATGCCAGTACCTAGTGCACCTAGCACT 3'

- une amorce E5F, sens : (SEQ ID NO :46)

5' CGAATACAACGTAGAGCAGAGGAGCTTCGAA 3'

- une amorce E6F, sens : (SEQ ID NO :47)

5' AGCCCAAGATGCAGTCCAAGACTAAGAT 3'

5 - une amorce E5R : (SEQ ID NO :48)

5' GCGTAGTAGAGGTTGTGCAGCTGAGAT 3'

- une amorce ExF : (SEQ ID NO:49)

CCCTTACCAAGAGTTTCTATGGAGAAT

- une amorce ExR : (SEQ ID NO:50)

10 ACCGCTCTAACTGCTTCCTGCTGAATT

Tous les oligonucléotides sont conçus pour pouvoir générer une amorce sens et une amorce anti-sens par un décalage de la séquence de l'amorce de référence de 1 à 7 nucléotides vers le côté 5' ou vers le côté 3': la modification de la séquence peut entraîner une modification de la taille de l'amorce de 1 à 7 nucléotides selon les cas. Les amorces choisies peuvent être optimisées selon les cas par un raccourcissement ou un allongement portant sur 1 à 9 nucléotides.

De manière préférée, l'hybridation, le clonage, le sous-clonage, l'obtention, la préparation et l'analyse des acides nucléiques, des peptides et des anticorps, le séquençage des acides nucléiques et des peptides, l'hybridation *in situ* et l'immunohistochimie sont réalisés dans les conditions décrites dans les ouvrages suivants :

- Current Protocols in Molecular Biology. Eds. F.M Ausubel, R. Brent & R.E Kingston et coll. Green Publishing associates and Wiley Interscience.

25 - Molecular Cloning: a laboratory manual. Eds. J. Sambrook, E.F. Fritsch & T. Maniatis. Cold Spring Harbor Laboratory Press. Cold Spring Harbor.

- The Practical Approach series. Eds. D. Rickwood & B.D. Ames. IRL Press and Oxford University Press. En particulier, antibodies I & II; DNA cloning I, II, III; Nucleic acid and protein sequence analysis; Nucleic acid hybridization; Nucleic acid sequencing ; Oligonucleotide synthesis; Protein purification applications; 30 Protein purification methods; Protein sequencing; Transcription and translation; Gels electrophoresis of nucleic acids; Gels electrophoresis of proteins; Genome analysis;

HPLC of macromolecules; Human genetic diseases; Microcomputing in biology; Molecular neurobiology; Mutagenicity testing; Essential molecular biology I & II.

- Proteome research: New frontiers in functional genomics. Eds M.R. Wilkins & coll.. Springer.

5 La séquence rétrovirale endogène humaine (SEQ ID NO:3), située sur le bras long du chromosome 7 correspond à la séquence HERV-7q ; elle présente 10,5 kb (fig. 1 et 2) et répond aux critères précédemment définis.

La recherche de domaines présentant des similitudes, tout ou partie, avec les régions *gag* et *env* de HERV-7q a abouti à l'identification de nouvelles
10 séquences rétrovirales endogènes. Ces séquences peuvent présenter la structure d'un rétrovirus endogène complet comme la séquence rétrovirale endogène située à proximité du gène des sous-unités alpha et delta du récepteur des cellules-T, et dénommée en conséquence HERV-TcR ; à titre d'exemple la figure 7 montre la comparaison des alignements nucléiques des domaines *gag* respectifs de HERV-7q et HERV-TcR
15 (séquence HG12, SEQ ID NO:18). On trouve aussi des structures rétrovirales partielles. Ces domaines rétroviraux similaires à HERV-7q sont identifiées dans des séquences nucléiques indépendantes comme le montre leur localisation chromosomique. Des motifs nucléiques (appelés ici, HEX ou HGx et respectivement analogues à des domaines de type *env* ou *gag*) ressemblant aux domaines *env* ou *gag* de
20 HERV-7q ont été retrouvés, à l'aide des banques de données précitées :

- HE2 : chromosome 17 (SEQ ID NO:4),
- HE3 et HG3: chromosome 6 (SEQ ID NO:5 et 6),
- HE4 : chromosome X (SEQ ID NO:7),
- HE5 : chromosome X q22 (SEQ ID NO:8),
- 25 - HE6 et HG6 : chromosome 1 q23.3-q24.3 (SEQ ID NO:9 et 10),
- HE7 : chromosome 7 p15 (SEQ ID NO:11),
- HE8 et HG8 : chromosome 19 (SEQ ID NO:12 et 13),
- HE9 : chromosome X (SEQ ID NO:14),
- HE 10 : chromosome X q13.1-21.1 (SEQ ID NO:15),
- 30 - HE11 et HG11 : chromosome 7 q21-22 (SEQ ID NO:16 et 17),

- HE12 et HG12, dans HERV-TcR : chromosome 14 q11.2 (SEQ ID NO:18 et 19).

Les alignements des domaines *env* (fig. 8) et *gag* (fig. 9) explicitent les niveaux d'homologie observés entre les séquences décrites ci-dessus et les séquences homologues dans HERV-7q. Les analogies peuvent s'étendre aux motifs rétroviraux flanquants.

Une analyse des séquences étiquettes disponibles dans les banques de données montre que des transcrits appartenant à certains des membres de cette famille, en particulier HERV-7q, s'expriment essentiellement dans des tissus d'origine fœtale ou placentaire.

Des séquences polypeptidiques générées par ces transcrits peuvent donc être potentiellement produites et des fonctions ou activités biologiques peuvent être envisagées, par analogie avec des polypeptides biologiquement actifs d'origine virale ou rétrovirale ; par exemple, les motifs peptidiques de type CKS-17 (fig. 5) ou CKS-25 (Huang S.S et Huang J.S, J. Biol. Chem. 1998, 273, 4815-4818), qui présentent des fonctions immunomodulatrices sur les cellules lymphocytaires hôtes. Les différences de séquence observées et d'éventuelles modifications normales ou pathologiques, sont en particulier, à l'origine d'une modulation de la fonction.

HERV-7q représente le paradigme de la nouvelle famille de séquences rétrovirales endogènes humaines ou de motifs rétroviraux endogènes.

HERV-7q et certaines des séquences rétrovirales endogènes appartenant à sa famille, présentent un domaine de type *pol* analogue à des séquences rétrovirales de type *pol* comme par exemple la région *pol* identifiée dans le rétrovirus MSRV associé à la sclérose en plaques et décrit par H. Perron et al. (1997, *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 94, 7583-7588 ; Demande Internationale PCT WO 97/06260).

Toutefois, les séquences selon la présente invention se distinguent des séquences rétrovirales exogènes infectieuses analogues à MSRV antérieurement décrites en ce que les séquences *gag* et *env*, selon l'invention sont significativement différentes selon les critères précédemment définis et en fonction de certaines caractéristiques spécifiques, par exemple le long cadre de lecture ouvert du domaine *env* de HERV-7q ; elles seraient à même de permettre de signer une pathologie lorsqu'elles

présentent des insertions, des délétions, des décalages de cadre de lecture ou des mutations.

En effet, les différences observées entre les séquences humaines de type HERV-7q, qui sont isolées d'individus réputés normaux et les séquences issues de certains échantillons d'origine pathologique, ne sont pas distribuées au hasard. Des comparaisons menées entre la région *gag* provenant de particules rétrovirales infectieuses (N° d'accèsion EMBL: A60168, A60200, A60201, A60171...) et la séquence *gag* correspondante de HERV-7q (fig. 9), permettent d'observer que les mutations affectent préférentiellement des codons non-sens. Par exemple, deux codons non-sens dans HERV-7q sont remplacés par un codon arginine dans A60200, ce qui permet d'obtenir une séquence déduite de 109 acides aminés pour HERV-7q et de 166 acides aminés pour A60200. Les changements de base permettent en conséquence de prolonger le cadre de lecture et de coder potentiellement pour des structures polypeptidiques de plus grande taille (figure 10).

De même, une séquence de type *env* provenant de particules rétrovirales infectieuses, présente une analogie significative avec le domaine *env* de HERV-7q (figure 11). Ces analogies marquées entre séquences rétrovirales exogènes et endogènes pourraient être à l'origine du déclenchement ou de l'aggravation de certains processus pathologiques, en particulier de certaines maladies auto-immunes, comme la sclérose en plaques. A cet égard, on peut remarquer que certaines des séquences rétrovirales endogènes décrites dans l'invention se situent à proximité ou dans des régions réputées présenter une susceptibilité pour la sclérose en plaques : par exemple HERV-7q et la région 7q21-22 du chromosome 7, de même pour HE12 et HG12 dans HERV-TcR et la région du gène codant pour les chaînes alpha et delta du récepteur des cellules-T, HE2 et le chromosome 17, ou HE3 et HG3 et le chromosome 6.

On n'observe aucune homologie significative avec des séquences rétrovirales endogènes déjà décrites; par contre, on peut relever une homologie limitée et en tout état de cause inférieure aux critères définis selon l'invention entre les domaines *env* de la séquence HERV-7q (SEQ ID NO :1) et de la séquence HERV-9 (figure 12). La figure 13 montre des homologies étendues entre la séquence HERV-7q

avec une séquence rétrovirale exogène (N° d'accension EMBL : A60170).

Les séquences rétrovirales endogènes humaines appartenant à la famille de HERV-7q, peuvent protéger contre des agressions liées à l'environnement ou constituer un bénéfice pour l'individu. Cet effet bénéfique pourrait être une des
 5 raisons possibles de la pression de sélection exercée sur certaines de ces séquences et du caractère potentiellement fonctionnel des structures protéiques déduites identifiées : par exemple le long cadre de lecture ouvert apte à coder pour une nouvelle protéine et correspondant au domaine *env* de HERV-7q.

Les séquences rétrovirales endogènes humaines appartenant à la famille de HERV-7q pourraient être associées par exemple, à des pathologies en relation
 10 avec les processus liés au cancer, aux neuropathologies à composante auto-immune ou à tout autre processus pathologique en association ou non avec des virus ou rétrovirus endogènes ou exogènes. Leur action pourrait porter sur la déclaration, l'aggravation, la modification du calendrier d'apparition ou encore la protection vis à vis de la maladie.

Dans le contexte d'application à des pathologies autoimmunes
 15 (comme par exemple le lupus, le syndrome de Sjögren, la polyarthrite rhumatoïde, la sclérose en plaques...), on peut relever des analogies significatives entre les motifs rétroviraux endogènes identifiés et des motifs retrouvés dans des structures rétrovirales caractérisées chez des patients présentant des pathologies autoimmunes comme la
 20 sclérose en plaques : par exemple des fragments de domaine *gag* (récemment disponibles dans les banques de données) provenant de particules rétrovirales infectieuses ou encore la séquence complète du domaine *pol* correspondant au virus MSRV associé à la sclérose en plaques. Ces motifs rétroviraux possèdent des analogies significatives avec les séquences endogènes homologues de type HERV-7q, ce qui permet
 25 d'envisager une association directe ou indirecte avec des processus pathologiques, dont la sclérose en plaques, en association ou non avec MSRV. On peut relever la présence de certaines de ces séquences ou motifs dans des régions de susceptibilité pour la sclérose en plaques: par exemple, les séquences HE11 et HG11, autour de la région 7q 21-22 ou encore HE4, HE5, HE6, HE9, HE10 ou HG10 sur le chromosome
 30 X sont localisées au niveau ou à proximité de régions chromosomiques régulièrement associées à des gènes de susceptibilité pour la sclérose en plaques. Ces séquences

seraient donc à même de fournir des moyens de localisation ou d'identification des gènes de prédisposition.

L'intérêt de ces séquences dépasse le cadre des maladies auto-immunes. En dehors de l'importance générale des motifs rétroviraux dans le déclen-
 5 chement ou l'aggravation d'un processus tumoral, bien montré en particulier dans les modèles murins (H. Fan dans *The retroviridae*, 1994, ed. J.A. Levy, Plenum, New York, p. 313-353), ces séquences pourraient se retrouver à proximité ou au sein de gènes importants et en altérer l'expression : par exemple HERV-TcR et les gènes des sous-unités alpha et delta du récepteur des cellules-T impliquées dans des perturba-
 10 tions de la fonction immunitaire.

L'invention a également pour objet les transcrits générés à partir des séquences précitées ainsi que celles présentant éventuellement des modifications avec les séquences de référence décrites dans l'invention lorsqu'ils sont exprimés chez certains patients.

15 En effet, les systèmes de régulation de l'expression des protéines rétrovirales de HERV-7q, qui sont présents dans les motifs de type LTR, pourraient influencer l'expression de gènes situés dans le voisinage chromosomique proche ou éloigné et induire des perturbations à caractère immunologique et/ou neurologique. Par exemple la séquence rétrovirale endogène HERV-TcR, se trouve à proximité
 20 immédiate des gènes des sous-unités alpha et delta du récepteur des cellules-T précédemment décrit. Les motifs de type LTR pourraient aussi coder pour des superantigènes (Acha-Orbea et Palmer, 1991, *Immunol. Today*, 12, 356-361). D'une manière générale des protéines rétrovirales de type HERV-7q ou apparenté, ou leurs formes tronquées ou partielles pourraient être impliquées dans des phénomènes de cytotoxi-
 25 cité ou de superantégenité, comme par exemple celles issues du long cadre de lecture ouvert identifié dans le domaine *env* (figure 4).

A cet égard, on peut relever que des motifs rétroviraux issus de régions défectives sont aptes à présenter des fonctions biologiques: par exemple, la protéine d'enveloppe p15E issue de motifs rétroviraux défectifs, possède une activité
 30 anti-inflammatoire et immunosuppressive (Snyderman et Ciancolo, 1984, *Immunol. Today*, 5, 240-244).

Ces structures sont vraisemblablement à même de provoquer des brèches ou d'amplifier des dérégulations dans les processus de défense immunitaire. Certains des motifs des domaines *gag*, *env* et de type LTR peuvent être associés à une fonction particulière ou peuvent contribuer à la fonction normale ou pathologique des domaines flanquants. Des recombinaisons avec un élément d'origine exogène, rétroviral ou non, peut donner lieu à la production de motifs nucléiques ou protéiques qui pourraient soit protéger, soit déclencher, ou favoriser ou aggraver une pathologie. De même, une structure rétrovirale contenant des éléments rétroviraux endogènes selon l'invention seraient à même de provoquer un processus pathologique après passage par un cycle transitoire exogène puis réintégration dans une région sensible ou critique du génome humain.

De même, la combinaison de motifs appartenant à la famille de HERV-7q, ou d'éléments induits par des motifs appartenant à la famille de HERV-7q, avec des motifs d'origine ou induits de manière exogène seraient à même de pouvoir déclencher, ou aggraver un processus pathologique ou au contraire de favoriser une protection ou une rémission partielle ou une guérison totale et définitive.

La détection rendue possible des domaines de type HERV-7q, suggère des applications possibles à la fois au niveau prophylactique, du pronostic et du diagnostic : par exemple des approches immunologiques ou d'amplification génique permettant de comparer des individus normaux servant de référence avec des patients, seraient à même de favoriser le dépistage, d'améliorer la détection précoce de la déclaration de la maladie et/ou de suivre l'évolution d'une pathologie chez des patients pouvant présenter une susceptibilité ou ayant déclaré la maladie ou encore chez des individus considérés comme normaux, selon les critères cliniques actuels.

Les sondes nucléiques et immunologiques spécifiques, telles que définies, dans la présente invention sont à même de favoriser l'identification et la détection de motifs anormalement exprimés dans le cadre de pathologies associées au cancer, ou de neuropathologies en particulier autoimmunes, au premier rang desquelles la sclérose en plaques.

Des manœuvres thérapeutiques peuvent être envisagées par usage de certaines des séquences nucléiques contenues dans HERV-7q et les séquences de la

même famille ou des structures polypeptidiques déduites ou par utilisation de peptides ou protéines, ou d'anticorps spécifiques.

La présente invention a également pour objet des séquences nucléiques hybrides, caractérisées en ce qu'elles comprennent des séquences ou motifs appartenant à la famille de HERV-7q, ou d'éléments induits par des motifs appartenant à la famille de HERV-7q, avec des motifs d'origine ou induits de manière exogène (séquences rétrovirales exogènes); de telles séquences hybrides sont vraisemblablement à même de pouvoir déclencher, ou aggraver un processus pathologique ou au contraire de favoriser une protection ou une rémission partielle ou une guérison totale et définitive.

La présente invention a également pour objet un réactif de diagnostic pour la détection différentielle de séquences nucléiques endogènes humaines complètes ou partielles, présentant des motifs rétroviraux, sélectionnés parmi les séquences SEQ ID NO :1 et/ou SEQ ID NO :2, caractérisé en ce qu'il est sélectionné dans le groupe constitué par les séquences SEQ ID NO :1-50, les séquences nucléiques complémentaires et les séquences inverses complémentaires des séquences précédentes, par les fragments nucléotidiques capables de définir ou d'identifier les séquences SEQ ID NO:1 et/ou SEQ ID NO:2 et toute séquence flanquante ou les chevauchants ainsi que par les fragments issus des régions codantes des séquences SEQ ID NO:1-24, correspondant à un cadre glissant supérieur ou égal à 14 nucléotides ou leurs séquences complémentaires, éventuellement marquées avec un marqueur approprié.

Les séquences des sondes nucléiques, ribonucléiques et oligonucléotidiques utilisées seront choisies dans les régions *env* et *gag* ou leur régions flanquantes : par exemple les oligonucléotides amorces pour HERV-7q, seront choisis dans les régions situées entre les nucléotides 3065 et 4390 et les nucléotides 6965 et 9550, ainsi que dans toute séquence adjacente (amont ou aval) capable de permettre une amplification spécifique (figure 1).

Parmi les marqueurs appropriés, on peut citer, les isotopes radioactifs, les enzymes, les fluorochromes, des marqueurs chimiques (biotine), les haptènes (digoxygénine) et les anticorps ou analogues de bases appropriées.

De manière préférée :

- ledit réactif est sélectionné parmi les séquences SEQ ID NO:30-50 et est apte à être utilisé comme amorce.

- ledit réactif est sélectionné parmi les séquences suivantes :

5 un fragment de 1505 nt amplifié par le couple d'amorces SEQ ID NO:30 et SEQ ID NO:31 (amorces G1F et G1R),

un fragment de 2529 nt amplifié par le couple d'amorces SEQ ID NO:38 et SEQ ID NO:39 (amorces E1F et E1R) et est apte à être utilisé comme sonde.

10 La présente invention a également pour objet un procédé de détection rapide et différentiel des séquences nucléiques rétrovirales endogènes de type *env* ou *env* et *gag*, de leurs variants normaux ou pathologiques, par hybridation et/ou amplification génique, réalisé à partir d'un échantillon biologique, lequel procédé est caractérisé en ce qu'il comprend :

15 (a) une étape dans laquelle l'on met en contact un échantillon biologique à analyser avec au moins une sonde telle que définie ci-dessus et

(b) une étape dans laquelle on détecte par tout moyen approprié, le ou les produits résultant de l'interaction séquence nucléotidique-sonde.

Conformément audit procédé, il peut comprendre :

20 * préalablement à l'étape (a) :

. une étape de préparation du tissu ou du liquide biologique concerné,

. une étape d'extraction de l'acide nucléique à détecter, et

. au moins un cycle d'amplification génique et

25 * postérieurement à l'étape (b) :

. une étape de comparaison des séquences nucléiques obtenues dans ledit échantillon biologique avec les séquences rétrovirales endogènes humaines selon l'invention par tout moyen approprié et notamment par séquençage, Southern-blot, coupure de restriction, SSCP ou toute autre méthode permettant d'identifier une insertion ou une délétion ou encore une simple mutation entre les différentes séquences comparées.

30

Conformément à l'invention, les séquences rétrovirales endogènes humaines selon l'invention sont ainsi comparées aux séquences nucléiques présentes dans l'échantillon biologique à analyser et permettent la détection de séquences homologues de patients atteints de pathologies, susceptibles de mettre en jeu une
 5 modification de leur génome.

De manière avantageuse, lesdites comparaisons géniques sont menées à partir d'ADN génomique provenant d'individus témoins et de patients.

Une amplification génique classique par PCR sera menée à l'aide d'amorces 5' -sens et 3' -antisens encadrant ou comprenant la zone à étudier (zone *env*
 10 ou zone *gag*).

Également de manière avantageuse, les séquences des sondes nucléiques, ribonucléiques et oligonucléotidiques utilisées sont choisies dans les régions *env* et *gag* ou leurs régions flanquantes : par exemple les oligonucléotides amorces pour HERV-7q, seront choisis dans les régions situées entre les nucléotides
 15 3065 et 4390 et les nucléotides 6965 et 9550, ainsi que dans toute séquence adjacente (amont ou aval) capable de permettre une amplification spécifique (figure 1), comme précisé ci-dessus. Elles sont de préférence sélectionnées dans le groupe constitué par

un fragment de 1505 nt amplifié par le couple d'amorces SEQ ID NO:30 et SEQ ID NO:31 (amorces G1F et G1R),

20 un fragment de 2529 nt amplifié par le couple d'amorces SEQ ID NO:38 et SEQ ID NO:39 (amorces E1F et E1R).

L'étape d'amplification génique est notamment réalisée à l'aide d'une des techniques d'amplification génique suivante : amplification par la Q β -réplicase, PCR, LCR, ERA, CPR ou SDA.

25 La présente invention a également pour objet un procédé de détection des transcrits, tels que définis ci-dessus, caractérisé en ce qu'il comprend :

- le prélèvement des ARN messagers provenant de tissus témoins et de tissus prélevé chez des patients et

- l'analyse qualitative et/ou quantitative desdits ARNm, par hybridation *in situ*, par dot-blot, Northern-blot, RNase mapping ou RT-PCR, à l'aide d'un
 30 réactif de diagnostic tel que défini ci-dessus.

La présente invention a également pour objet des produits de traduction, caractérisés en ce qu'ils sont codés par une séquence nucléotidique telle que définie ci-dessus.

La présente invention a également pour objet un peptide, caractérisé en ce qu'il est susceptible d'être exprimé à l'aide d'une séquence nucléotidique sélectionnée dans le groupe constitué par les séquences SEQ ID NO:1-24, telles que définies ci-dessus.

Ledit peptide englobe également les peptides ou polypeptides dérivés comprenant entre 5 et 540 aminoacides (SEQ ID NO:25-29 et SEQ ID NO:51 et leurs fragments d'au moins 5 aminoacides).

Lesdits peptides sont traduits à partir des séquences nucléiques telles que définies ci-dessus, selon les combinaisons offertes par l'usage des différents cadres de lecture possibles.

Selon un mode de réalisation avantageux desdits peptides, ils sont notamment sélectionnés parmi les séquences SEQ ID NO:25-29 et SEQ ID NO :51

Selon un autre mode de réalisation avantageux desdits peptides, ils sont obtenus à partir des séquences nucléiques telles que définies ci-dessus, dans lesquelles au moins un codon non-sens peut être remplacé par un codon codant pour l'un des aminoacides suivants : Phe (F), Leu (L), Ser (S), Tyr (Y), Cys (C), Trp (W), Gln (Q), Arg (R), Lys (K), Glu (E) ou Gly (G).

L'invention englobe ainsi les peptides déduits ou les protéines déduites correspondant à tout ou partie des séquences nucléiques décrites dans l'invention, et présentant éventuellement des modifications avec les séquences de références décrites dans l'invention, lorsqu'ils sont exprimés chez certains patients. En particulier, l'invention englobe les séquences complètes ou partielles obtenues selon les 3 cadres de lecture sens et les 3 cadres de lecture inverses et complémentaires. (voir SEQ ID NO:22-24)

De manière avantageuse, la protéine env de HERV-7q selon l'invention présente :

- des sites de N-glycosylation. La glycosylation des protéines d'enveloppe des rétrovirus semble être directement associée à leurs propriétés fonc-

tionnelles, par exemple en influençant le nombre des déterminants disponibles dans les cellules-T ou en favorisant la reconnaissance des antigènes par les cellules-T. La glycosylation pourrait jouer un rôle dans la déclaration ou l'extension d'une pathologie à incidence autoimmune. Les glycosylations sont nécessaires au maintien de la conformation de certains épitopes, en particulier lors de la réalisation d'une protéine d'enveloppe recombinante à fin de mise au point d'un réactif de diagnostic et pour favoriser l'efficacité d'un éventuel vaccin. Positions 171, 210, 216, 236, 244, 283 et 411. Nombre prévu au hasard : 3.2

- des sites de prénylation. La prénylation est un mécanisme essentiel de la fixation à la membrane cellulaire et pour le ciblage de certaines protéines. Ce processus de ciblage pourrait être essentiel pour l'élaboration d'agents thérapeutiques spécifiques aptes à interférer dans la réalisation et la régulation du trafic de complexes cellulaires mettant en jeu des protéines impliquées dans les interactions, la croissance et les mouvements cellulaires. Positions 188 et 290. Nombre prévu au hasard : 1.8

- des sites de ciblage dans le réticulum endoplasmique. Ces sites permettraient d'assurer le ciblage vers le réticulum endoplasmique afin d'effectuer les modifications nécessaires pour favoriser le franchissement membranaire. Positions 353 et 431. Nombre prévu au hasard : 0.2

Lesdits peptides ou protéines peuvent présenter avantageusement des propriétés biologiques.

Les produits protéiques générés par les séquences rétrovirales endogènes ou produits parallèlement peuvent avantageusement être caractérisés par des micro-méthodes d'analyse et de quantification des peptides et des protéines: HPLC/FPLC ou équivalent, électrophorèse capillaire ou équivalent, techniques de microséquençages (méthode d'Edman ou équivalent, spectrométrie de masse...).

L'invention a également pour objet des anticorps dirigés contre l'un ou plusieurs des peptides décrits ci-dessus et leur utilisation pour la mise en œuvre d'une méthode de détection *in vitro*, notamment différentielle de la présence d'une telle séquence chez un individu.

Lesdits anticorps sont avantageusement des anticorps polyclonaux ou monoclonaux obtenus par une réaction immunologique d'un organisme humain,

mammifères, oiseaux ou autres espèces vis-à-vis des protéines, telles que définies ci-dessus.

La présente invention a pour objet un procédé de dépistage immunologique différentiel de séquences rétrovirales endogènes humaines de la famille HERV-7q normales ou pathologiques, caractérisé en ce qu'il comprend la mise en contact d'un échantillon biologique avec un anticorps selon l'invention, la lecture du résultat étant révélée par un moyen approprié, notamment EIA, ELISA, RIA, fluorescence.

A titre d'illustration, une telle méthode de diagnostic *in vitro* selon l'invention comprend la mise en contact d'un échantillon biologique prélevé chez un patient, avec des anticorps selon l'invention et la détection à l'aide de tout procédé approprié, notamment à l'aide d'anti-immunoglobulines marquée, des complexes immunologiques formés entre les protéines produites normalement ou pathologiquement et les anticorps.

Des anticorps monoclonaux ou polyclonaux, produits à partir d'antigènes correspondants à des peptides de synthèse, de polypeptide ou protéines recombinants, permettent de suivre l'expression des peptides ou protéines produits normalement ou pathologiquement. L'analyse est de préférence effectuée par ELISA, ou équivalent, Western-blot ou équivalent, ou par immunohistochimie.

Les peptides ou protéines, issus des séquences rétrovirales endogènes ou dont l'expression est associée à l'expression de ces séquences rétrovirales endogènes, sont recherchés et identifiés.

La présente invention a également pour objet un procédé d'identification et de détection de motifs rétroviraux endogènes, anormalement exprimés dans le cadre de pathologies associées au cancer, ou de neuropathologies en particulier autoimmunes, au premier rang desquelles la sclérose en plaques, caractérisé en ce qu'il comprend l'analyse comparée des séquences extraites d'un échantillon biologique avec les séquences selon l'invention.

La présente invention a également pour objet l'application des séquences nucléiques ou des séquences protéiques selon l'invention au diagnostic, au pronostic, à l'évaluation de la susceptibilité génétique, à toutes maladies humaines

induites, innées ou acquises en particulier celles à composantes cancéreuses, auto-immunes et/ou à incidence neurologique, comme la sclérose en plaques, les syndromes associés et les maladies neurodégénératives où intervient tout ou partie des séquences nucléiques selon l'invention et des formes endogènes ou exogènes apparentées.

La présente invention a également pour objet des séquences nucléiques hybrides, caractérisées en ce qu'elles comprennent des séquences ou motifs nucléiques selon l'invention, combinés avec des séquences ou motifs d'origine endogène ou d'origine ou induits de manière exogène.

La présente invention a, en outre, pour objet un vecteur recombinant de clonage ou d'expression, caractérisé en ce qu'il comprend une séquence nucléique conforme à l'invention.

Outre les dispositions qui précèdent, l'invention comprend encore d'autres dispositions, qui ressortiront de la description qui va suivre, qui se réfère à des exemples de mise en œuvre du procédé objet de la présente invention ainsi qu'aux dessins annexés, dans lesquels :

- Figure 1. Séquence nucléique humaine HERV-7q, dont l'analyse et le traitement permettent de caractériser une nouvelle structure rétrovirale endogène. Les régions nucléiques répétées de type R1 et R2 et les domaines *gag*, *pol* et *env* sont soulignés. Les domaines de type *gag* et *env* sont en italiques. La région homologue à une partie 3' non-codante de Rab7 est doublement soulignée.

- Figure 2. Cartographie de la région rétrovirale endogène humaine HERV-7q. La partie haute de la figure correspond à une région anonyme du génome humain située sur le bras long du chromosome 7. On peut identifier les domaines répétés (1), *gag* (2), *pol* (3) et *env* (4) de HERV-7q. La région *env* C-terminale (4.3) se prolonge en amont en un long cadre de lecture ouvert (4.2). Le domaine 4.1, correspond à la région N-terminale du domaine *env*.

- Figure 3. Comparaison des séquences nucléiques répétées situées aux bornes de HERV-7q. Les régions nucléiques répétées 5'(haut) et 3'(bas), sont comparées et les bases identiques sont indiquées par deux points.

- Figure 4. Séquence déduite présentant un cadre de lecture ouvert, dans le domaine de type-env de HERV-7q selon la règle du plus long cadre de lecture ouvert.

5 - Figure 5. Séquences autour du domaine CKS-17 identifiées dans différents domaines *env* déduits de la famille de HERV-7q et comparaison avec des motifs CKS-17 de référence.

1) HE2 - 2) HERV-7q - 3) N° d'accès à GenBank: M85205 - 4) HE7 - 5) HE9 - 6) CKS-17: le motif peptidique doué de propriétés immunomodulatrices est souligné - 7) gp20 de rétrovirus de type-D (SRV-Pc).

10 - Figure 6. Séquence déduite possible du domaine de type-gag identifié dans HERV-7q établie selon la règle du plus long cadre de lecture ouvert. X et / correspondent respectivement à un codon non-sens et à un décalage de cadre de lecture. La séquence soulignée correspond au début du domaine *pol*.

15 - Figure 7. Comparaison des régions nucléiques couvrant la région gag de HERV-7q (haut) et HERV-TcR (bas) et leurs régions flanquantes. Les bases identiques sont spécifiées par deux points.

20 - Figure 8. Exemple d'alignements nucléiques du domaine de type *env* de HERV-7q avec des domaines de type *env* similaires présents dans des séquences rétrovirales endogènes humaines de la même famille. Les codons non sens sont soulignés : 1) HERV-7q - 2) HE2 - 03) HE3 - 04) HE4.

25 - Figure 9. Alignements nucléiques entre le domaine *gag* de HERV-7q et les domaines correspondants appartenant à la même famille. Comparaison avec des fragments de domaines *gag* isolés d'agents rétroviraux infectieux. Séquences d'origine rétrovirale infectieuse: N° d'accèsion dans la banque de données EMBL : 1) A60168 - 2) A60201 - 3) A60200 - 4) A60171. Séquences rétrovirales endogènes humaines: 5) HERV-7q - 6) HG11 - 7) HG3. Les chiffres indiqués dans les séquences endogènes, correspondent au nombre de nucléotides insérés afin d'optimiser l'alignement avec les séquences de type *gag* identifiées dans des rétrovirus d'origine infectieuse.

30 - Figure 10. Alignement d'un motif *gag* protéique déduit (haut) appartenant à un rétrovirus infectieux (N° d'accèsion EMBL : A60200) avec le motif

gag protéique déduit (bas) identifié dans HERV-7q. Les codons non-sens sont en gras et soulignés. Les acides aminés identiques sont spécifiés par 2 tirets. Un tiret indique une délétion ou un acide aminé homologue.

- Figure 11. Alignement d'un motif *env* (haut) appartenant à un rétrovirus infectieux (N° d'accension EMBL : A60170) avec le motif *env* (bas) identifié dans HERV-7q. Les nucléotides homologues sont spécifiés par deux points et les délétions par un tiret.

- Figure 12. Comparaison entre le domaine *env* de HERV-7q (haut) et le domaine *env* de HERV-9 (bas). L'homologie de 66 % se limite à la région 3' du domaine *env* de HERV-7q et HERV-9, respectivement entre les nucléotides 8976 nt et 9500 nt de HERV-7q et les nucléotides 2898 nt et 3465 nt de HERV-9 (N° d'accension à GenBank : X57147). De nombreuses insertions/délétions sont aussi observées.

- Figure 13. Comparaison entre les domaines de type *env*, de HERV-7q et d'une séquence rétrovirale infectieuse exogène (n° d'accension EMBL : A60170).

Il doit être bien entendu, toutefois, que ces exemples sont donnés uniquement à titre d'illustration de l'objet de l'invention, dont ils ne constituent en aucune manière une limitation.

EXEMPLE 1 : Détection, par amplification génique, d'une séquence nucléique appartenant à un domaine de type *gag* ou *env* selon l'invention, dans un échantillon d'ADN génomique d'origine humaine ou de mammifères.

L'amplification génique s'effectue à partir d'ADN génomique isolé à partir du sang. Un traitement anticoagulant est effectué avec 1 ml d'une solution de citrate (pour un litre : 4,8 g de d'acide citrique, 13,2 g de citrate de sodium, 14,7 g de glucose) pour 6 ml de sang frais. Après centrifugation de 20 ml de sang pendant 15 mn à 13.0000 g, le surnageant est éliminé et la fraction enrichie en globules blancs est transférée dans un nouveau tube, puis recentrifugée dans les mêmes conditions que précédemment. La fraction enrichie en globules blancs est resuspendue dans un tampon d'extraction (10 mM Tris-HCl, 0,1 M EDTA, 20 µg/ml de RNase pancréatique traitée afin d'éliminer les DNases, 0,5 % SDS, pH 8,0), puis incubée pendant 1 heure

à 37°C. La protéinase K est ajoutée à une concentration finale de 100 µg/ml. La suspension des cellules lysées est incubée à 50°C durant 3 heures sous agitation périodique, puis traitée par un volume égal de phénol équilibré par du Tris-HCl 0,5 M, pH 8,0. L'émulsion formée est placée sur une roue pendant une heure, puis centrifugée à 5000 g pendant 15 mn à température ambiante. La solution aqueuse est traitée déprotéinisée par une triple extraction phénolique afin d'obtenir un niveau de purification correspondant à un rapport final d'absorbance A260/A280 supérieur à 1,75. La fraction aqueuse est précipitée par 0,2 vol. d'acétate de sodium 10 M et 2 vol. d'éthanol. L'ADN est alors soit prélevé avec l'extrémité d'une pipette pasteur recourbée, soit centrifugé à 5000 g pendant 5 mn à température ambiante. L'ADN ou le culot d'ADN est lavé deux fois par de l'éthanol à 70 %, puis repris dans 1 ml de TE pH 8,0 afin d'être élué sous agitation douce pendant 12 à 24 heures.

Des oligonucléotides spécifiques des séquences endogènes décrites selon l'invention sont choisis pour amplifier la région *gag* ou *env* des régions rétrovirales endogènes décrites selon l'invention. L'ADN génomique étudié provient de patients présentant des pathologies comme la sclérose en plaques et d'individus réputés sains.

Les ADN polymérases thermostables utilisées ont été choisies pour leur grande fidélité lors du processus d'amplification, comme la Vent, ADN polymérase (Biolabs) ou équivalent, et sont utilisées selon les conditions préconisées par le fournisseur.

La stratégie d'amplification utilise selon les cas une simple PCR, ou une PCR nichée ou semi-nichée.

Oligonucléotides utilisés pour amplifier la région *gag* :

- amorce G1F, sens, localisée dans la région amont du domaine *gag* de *HERV-7q* (SEQ ID NO:30),
- amorce G1R, anti-sens, localisée dans la région 3' terminale du domaine *gag* (SEQ ID NO:31),

Le fragment de 1505 nt amplifié par le couple G1F-G1R : 1505 nt est utilisé afin de générer les sondes aptes à hybrider les différents produits d'amplification des PCR.

- amorce G2F, sens nichée (SEQ ID NO:32),
- amorce G2R, anti-sens nichée (SEQ ID NO:33),
- amorce G4F, sens nichée (SEQ ID NO:34),
- amorce G3F, sens nichée (SEQ ID NO:35),
- amorce G4R, anti-sens nichée (SEQ ID NO:36),
- amorce G5R, anti-sens nichée (SEQ ID NO:37),

Oligonucléotides utilisés pour amplifier la région *env* de HERV-7q :

- amorce E1F, sens (SEQ ID NO:38),
- amorce E1R, anti-sens (SEQ ID NO:39),

Le fragment de 2529 nt amplifié par le couple d'amorces E1F-E1R, est utilisé afin de générer les sondes aptes à hybrider les différents produits d'amplification des PCR.

- amorce E2F, sens (SEQ ID NO:40),
- amorce E2R, antisens (SEQ ID NO:41),
- amorce E3F, sens (SEQ ID NO:42),
- amorce E3R, anti-sens (SEQ ID NO:43),
- amorce E4F, sens (SEQ ID NO:44),
- amorce E4R, anti-sens (SEQ ID NO:45),
- amorce E5F, sens (SEQ ID NO:46),
- amorce E6F, sens (SEQ ID NO:47)
- amorce E5R (SEQ ID NO:48).
- amorce ExF (SEQ ID NO:49)
- amorce ExR (SEQ ID NO:50)

La PCR est réalisée à partir de 50 à 200 ng d'ADN génomique. Les conditions de PCR sont celles préconisées par le fournisseur. Les conditions cycliques d'amplification sont réalisées dans 50 µl : une dénaturation de 94°C pendant 1 min., une hybridation de 70°C pendant 1 min., et une élongation à 72 °C pendant 1 à 2 min., selon les fragments amplifiés. Après 35 cycles, une réaction terminale est menée à 72°C pendant 10 min. Le séquençage automatique des échantillons amplifiés est réalisé à l'aide d'un séquenceur Applied Biosystems de type ABI 377 ou autre modèle comparable, selon les protocoles fournis par le constructeur.

Dans le cas d'une PCR nichée ou semi-nichée, les mêmes conditions expérimentales sont utilisées, à la seule différence que l'échantillon d'ADN génomique est remplacé par 5 à 10 µl du produit d'amplification issu de la première PCR.

Deux amplifications indépendantes sont réalisées à partir du même échantillon. Une réaction de contrôle est réalisée en remplaçant l'échantillon d'ADN par de l'eau afin de détecter d'éventuels contaminants.

EXEMPLE 2 : Détection par amplification génique d'une séquence nucléique selon l'invention dans un échantillon biologique d'ADN génomique prélevés chez des patients présentant une pathologie candidate déclarée ou la suspicion de cette pathologie.

Le protocole d'amplification est le même que dans l'exemple 2, mis à part l'origine de l'échantillon qui provient de patients présentant une pathologie candidate. Un échantillon d'ADN génomique réputé normal est systématiquement intégré dans l'ensemble des échantillons pathologiques amplifiés puis analysés.

Les produits de PCR sont séparés sur un gel d'agarose à 1,5 %, puis transférés en présence de soude 0,4 N sur une membrane de nylon chargé. Une hybridation est réalisée avec une sonde spécifique correspondant aux fragments de PCR amplifiés soit par les couples G1F-G1R soit par le couple E1F-E1R. La sonde est marquée par incorporation de dUTP-digoxygénine selon le protocole du fournisseur (Boehringer Mannheim). L'hybridation est effectuée dans un tampon d'hybridation (5XSSC, 50 % formamide, 0,1 % lauroyl-sarcosine, 0,02 % SDS, 2 % de réactif de blocage Boehringer) pendant une nuit à 42°C. Le Southern est lavé 2 fois 5 min. à température ambiante dans une solution de 2XSSC, 0,1% SDS. Puis un lavage à haute stringence est effectué à deux reprises pendant 15 min. à 55°C dans une solution 0,1XSSC, 0,1 % SDS. L'hybridation est révélée selon le protocole du fournisseur (Boehringer Mannheim), en présence d'un substrat chimioluminescent de la phosphatase alcaline, de type CSPD ou CDP-STAR. Le filtre est révélé après une exposition de 15min. à 60 min.

Une analyse par SSCP (« *single strand conformation polymorphism* ») permet de détecter des modifications discrètes de la séquence des fragments amplifiés par PCR. La PCR est menée en présence de dCTP marqués au P³². L'échan-

tillon à analyser est dénaturé à 95°C pendant 10 min., en présence de tampon de charge, puis immédiatement chargé sur un gel de polyacrylamide à 10%, contenant 7.5% de glycérol. La migration s'effectue à 4°C à 8-10 W. Le gel est séché puis autoradiographié.

- 5 Les fragments de PCR susceptibles de présenter une altération de leur séquence nucléotidique sont séquencés selon l'exemple 2.

Une hybridation à l'aide d'un oligonucléotide spécifique (17 mers à 20 mers) correspondant à la région nucléotidique modifiée permet d'identifier les échantillons présentant une modification identique (méthode ASO). Brièvement le
10 southern est hybridé avec un oligonucléotide marqué distalement soit au P³², soit en présence de digoxygénine (selon le protocole de Boehringer Mannheim) puis lavé dans des conditions stringentes à 65°C dans une solution 6XSSC, 0.05% pyrophosphate de sodium.

15 **EXEMPLE 3 : Détection d'une protéine selon l'invention dans un échantillon biologique.**

- Préparation d'une fraction protéique purifiée de liquide céphalo-rachidien de patients atteints de SEP

Après un traitement à 56°C pendant 30 min, et élimination des immunoglobulines sur une colonne de protéine G HiTrap (Pharmacia), l'équivalent de
20 10 ml de LCR est déposé sur une colonne de DEAE Sepharose CL-6B (Pharmacia). L'élution est réalisée en Tris-HCl 20 mM pH 8,8, et un gradient de 0 à 0,4 M de NaCl, puis la fraction est dialysée 2 fois contre du tampon phosphate-NaCl (PBS). Après concentration sur Ultrafree-MC (Millipore), la fraction est déposée sur une colonne de Superose 12 (FPLC Pharmacia) et éluée en présence de PBS. Après séparation par
25 électrophorèse en gel de polyacrylamide-SDS, et électro-transfert sur une membrane d'Immobilon-P (Millipore), les bandes protéiques sont soumises à une hydrolyse tryptique ménagée.

- Analyse de la fraction protéique par spectrométrie de masse

Les peptides digérés en présence de trypsine, sont analysés par la
30 méthode de MALDI-TOF, qui permet l'analyse de peptides présents en mélange. (COTTRELL J.S., Pept. Res., 1997, 7, 115-124). Les peptides caractérisés en fonction

de leur masse sont comparés aux protéines et aux protéines associées selon l'invention.

EXEMPLE 4 : Détection d'anticorps spécifiques anti-domaine *env* de HERV-7q.

L'identification d'un long cadre de lecture ouvert au sein de la
 5 séquence *env* de HERV-7q, a permis de déterminer une séquence protéique déduite
 SEQ ID NO:23, SEQ ID NO:25, SEQ ID NO:27, SEQ ID NO:28, SEQ ID NO:29
 d'une région dudit gène, référencée par SEQ ID NO:22.

Les séquences de protéines déduites des séquences ID NO:23, 25,
 27, 28 et 29 sont positionnées comme suit par rapport à la figure 1 ou à la séquence ID
 10 NO:3 :

SEQ ID NO:23 : début de la séquence codante : position 7874, fin de
 la séquence codante 1^{er} codon non-sens (position 9493)

SEQ ID NO:25 : début de la séquence codante : position 7874, fin de
 la séquence codante 1^{er} codon non-sens (position 9493) (cadre de lecture 1)

15 SEQ ID NO:27 : début de la séquence codante : position 6970, fin de
 la séquence codante 1^{er} codon non-sens (position 9493) (cadre de lecture 1)

SEQ ID NO:28 : début de la séquence codante : position 6971, la fin
 du cadre de lecture est décalée selon le cas de 1, 2 ou 3 codons

20 SEQ ID NO:29 : début de la séquence codante : position 6972, la fin
 du cadre de lecture est décalée selon le cas de 1, 2 ou 3 codons

Différents peptides correspondant à tout ou partie des SEQ ID
 NO:23, SEQ ID NO:25, SEQ ID NO:27, SEQ ID NO:28, SEQ ID NO:29 ont été
 synthétisés par génie génétique afin de tester leur spécificité antigénique vis à vis de
 séra ou de tissus de patients atteints de SEP, par exemple. Brièvement, tout ou partie
 25 de la région *env* de HERV-7q est sous clonée dans les vecteurs pQE30, 31 et 32. Les
 vecteurs pQE30, 31 et 32 contiennent en 5' du multi-site de clonage les séquences
 consensuelles pour la transcription (le promoteur fort du bactériophage T5, 2 opéra-
 teurs de l'opéron lactose), la traduction (un site d'accrochage ribosomal synthétique).
 De même, pQE30, 31 et 32 possèdent en 3', le terminateur de transcription du phage 1
 30 ainsi qu'un codon "Stop" pour la traduction. L'expression de la protéine s'effectue
 après transformation dans *E. coli* M15. Le plasmide pQE30, 31 et 32 possèdent en

amont du site de polyclonage la séquence codante pour une suite de 6 histidines présentant une affinité pour les ions nickel. Cet enchaînement permet la purification de la protéine chimérique exprimée, par adsorption sur une résine constituée d'un ligand chélatant, l'acide nitrilotriacétique (NTA), chargé de 4 ions nickel (résine NI-NTA, Qiagen).

La transformation s'effectue par électroporation ou traitement au chlorure de calcium. Par exemple, une colonie d'*E. coli* M15 est incubée dans 100 ml de milieu LB contenant 250 µg de kanamycine, sous agitation à 37°C jusqu'à l'obtention d'une DO⁶⁰⁰ de 0,5. Après une centrifugation de 5 minutes à 2000g à 4°C, le culot bactérien est repris dans 30 ml de solution TFB1 (100 mM de chlorure de rubidium, 50 mM de chlorure de manganèse, 30 mM d'acétate de potassium, 10 mM CaCl₂, 15% glycérol, pH 5.8), à 4°C pendant 90 minutes. Après une centrifugation de 5 minutes à 2000g à 4°C, le culot bactérien est repris dans 4 ml de solution TFB2 (10 mM de chlorure de rubidium, 10 mM de MOPS, 75 mM CaCl₂, 15% de glycérol, pH 8). Les cellules peuvent être gardées à -70°C par aliquot de 500 µl. 20 µl de la ligation et 125 µl de cellules compétentes sont mélangés et placés dans la glace 20 minutes. Après un choc thermique de 42°C pendant 90 secondes, les cellules sont agitées 90 minutes à 37°C dans 500 ml de milieu Psi-broth (milieu LB complété par 4 mM de MgSO₄, 10mM de chlorure de potassium). Les cellules transformées sont étalées sur des boîtes LB-agar complétées par 25 µg/ml de kanamycine, et 100µg/ml d'ampicilline, et les boîtes sont incubées une nuit à 37°C.

Les clones potentiellement recombinants sont repiqués de manière ordonnée sur un filtre de nylon déposé sur une boîte LB-agar complétée par 25 µg/ml de kanamycine et 100 µg/ml d'ampicilline. Après une nuit à 37°C, les clones recombinants sont repérés par hybridation de l'ADN plasmidique avec la sonde nucléotidique amplifiée par PCR avec le couple d'amorces selon SEQ ID NO:38 et SEQ ID NO:39.

Une colonie indépendante, contenant l'insert, est inoculée à 20 ml de milieu LB complétée par 25 µg/ml de kanamycine et 100 µg/ml d'ampicilline. Après une nuit à 37°C sous agitation, 500 ml de même milieu sont incubés au 1/50° par cette préculture jusqu'à l'obtention d'une DO⁶⁰⁰ de 0,8, puis 1 à 2 mM final d'IPTG

est ajouté. Après 5 heures, les cellules sont centrifugées 20 minutes à 4000 g.

Une partie du culot cellulaire est repris dans 5 ml de tampon de sonication (50 mM de phosphate de sodium pH 7,8, 300 mM NaCl) puis placé dans la glace. Après une rapide sonication, les cellules sont centrifugées 20 minutes à 10000 g. Une partie du culot cellulaire est repris dans 10 ml d'une solution 30 mM Tris/HCl-20% sucrose pH8. Les cellules sont incubées 5 à 10 minutes sous agitation, après adjonction de 1 mM EDTA. Après une centrifugation de 10 minutes à 8000 g à 4°C, le culot est repris dans 10 ml de 5 mM de MgSO₄ glacé. Après 10 minutes dans la glace sous agitation, les cellules sont centrifugées 10 minutes à 8000 g à 4°C.

Le culot est repris par 5 ml/g dans du tampon A (6 M GuHCl (chlorhydrate de guanidine), 0,1M phosphate de sodium, 0,01M Tris/HCl, pH 8), 1 heure à température ambiante. Le lysat est centrifugé 15 minutes à 10000 g à 4°C, et le surnageant est complété par 8 ml de résine Ni-NTA, prééquilibrée dans du tampon A. Après 45 minutes à température ambiante, la résine est coulée dans une colonne, lavée par 10 fois le volume de la colonne par du tampon A puis par 5 fois le volume da la colonne par du tampon B (8 M urée, 0,1 M phosphate de sodium, 0,01 M Tris/HCl, pH 8). La colonne est lavé par du tampon C (8 M urée, 0,1M phosphate de sodium, 0,01 M Tris/HCl, pH 6,3) jusqu'à ce que l'A280 soit inférieur à 0,01. La protéine recombinante est éluée par 10 à 20 ml de tampon D (8 M urée, 0,1 M phosphate de sodium, 0,01 M Tris/HCl, pH 5,9) puis par 10 à 20 ml de tampon E (8 M urée, 0,1 M phosphate de sodium, 0,01 M Tris/HCl, pH 4,5), puis par 20 ml de tampon F (6 M HCl, 0,2 M acide acétique). Après une analyse en SDS-PAGE, la ou les fractions purifiées contenant la protéine chimérique ont permis l'obtention d'anticorps chez le lapin. Les anticorps obtenus sont testés par Western-blot après révélation par un anticorps secondaire couplé à la phosphatase alcaline.

Des anticorps sont obtenus de la même manière, à partir de peptides synthétisés chimiquement selon la technique de Merrifield (G. Barany and B. Merrifield, 1980, dans *The peptides*, 2, 1-284, E. Gross et J. Meienhofer, Academic Press, New York).

Les anticorps spécifiques obtenus sont utilisés à fin de détection de l'expression sérique ou tissulaire de tout ou partie des séquences rétrovirales endo-

gènes selon l'invention, dans les cas normaux et pathologiques.

Les protéines d'origine sérique ou tissulaire, sont séparées sur gel d'acrylamide-SDS puis transférées sur un filtre de nitrocellulose à l'aide d'un appareil Novablot 2117-2250 (LKB). Le transfert est effectué sur une feuille de Hybond C-
 5 extra (Amersham) en utilisant un tampon CAPS 100 mM pH 11, méthanol, eau (V/V/V: 1/1/8) contenant 1 mM de CaCl_2 . Après un transfert de 1 heure à 0,8 mA/cm², la feuille est saturée une heure à température ambiante dans du PBS-0,5 % gélatine. La feuille est mise en présence de l'anticorps spécifique à la concentration de 1/1000 dans du PBS-0,25 % gélatine. Au bout de 2 heures, le filtre est lavé 3 fois 15
 10 minutes dans du PBS-0,1 % de Tween-20, puis le filtre est incubé 30 minutes en présence d'un anticorps secondaire couplé à la phosphatase alcaline (Promega), dilué au 1/7500 dans du PBS-0,25% gélatine. Après trois lavages dans du PBS-0,1 % de Tween-20, le filtre est équilibré dans un tampon (100 mM de Tris-HCl pH 9,5, 100 mM de NaCl, 5 mM de MgCl_2). La révélation est effectuée en présence de 45 µl de
 15 NBT à 75 mg/ml et 35 µl de BCIP à 50 mg/ml, pour 10 ml de tampon de phosphatase alcaline.

Les protéines chimériques obtenues par génie génétique, sont utilisées aussi à fin de tests d'activité biologique, comme par exemple pour le test d'activité biologique du peptide de type CKS-17 identifié dans le domaine *env* de
 20 HERV-7q (figure 5).

EXEMPLE 5 : Obtention de sondes ribonucléiques codant pour les séquences *env* de HERV-7q.

Les fragments de PCR obtenus sont sous clonés dans le plasmide PGEM 4Z (Promega) qui possède de par et d'autre de son site de polyclonage, les
 25 séquences promotrices pour les ARN polymérase SP6 et T7.

La méthode de compétence utilisée est l'électroporation. Le plasmide et le fragment de PCR sont hybridés dans un rapport de 50 ng de vecteur (coupé à Sma I) pour 100 ng de fragment de PCR (rendu à bout franc par traitement par le fragment de Klenow de l'ADN polymérase). L'incubation a lieu une nuit à 22°C, dans le
 30 tampon de ligation (66 mM Tris-HCl pH 7,5, 5 mM MgCl_2 , 1 mM dithioerythritol,

1 mM ATP) en présence de 1u. de T4 ADN ligase puis est arrêtée par dénaturation 10 minutes à 65°C. Parallèlement, la souche d'*E. Coli* JM 105 est ensemencée une nuit à 37°C dans du milieu LB. Cette préculture est diluée au 1/500 et placée à 37°C jusqu'à une DO⁶⁰⁰ égale à 1. Pour la suite du mode opératoire les cellules seront toujours

5 conservées au froid. Après une centrifugation de 5 minutes à 3500 g à 4°C, le culot cellulaire est resuspendu dans 1/4 vol. d'eau glacée ultra-pure. Cette étape est répétée 5 à 6 fois. Puis le culot est resuspendu dans 1/4000 vol. d'eau; 10 % de glycérol stérile sont ajoutés permettant la conservation des cellules électrocompétentes, par aliquots de 10 µl à 20°C. A 50 µl de cellules électrocompétentes est ajouté 1 µl de la ligation ;

10 le tout est soumis à une décharge électrique de 12,5 kV/cm, appliquée pendant 5,8 ms. Les cellules sont rapidement remises en suspension dans le milieu SOC, incubées 1 heure à 37°C, puis étalées, en présence de 2% X-Gal dans du diméthylformamide, et 10 mM d'IPTG, sur une boîte de gélose LB-agar supplémentée en ampicilline (100 µg/ml). Après une nuit à 37°C, les clones blancs potentiellement recombinants, sont

15 repiqués de manière ordonnée sur une boîte LB/ampicilline et parallèlement sur un filtre de nylon déposé sur une boîte LB/ampicilline. Ces deux boîtes sont incubées une nuit à 37°C. Les clones recombinants sont alors repérés par hybridation avec une sonde nucléique amplifiée par PCR avec le couple d'amorces selon SEQ ID NO:38 et SEQ ID NO:39 et marquée à la digoxygénine.

20 Les clones recombinants sont cultivés dans 50 ml de milieu LB/ampicilline (100 µg/ml) en agitation pendant une nuit à 37°C. Après une centrifugation à 3500 g pendant 15 minutes à 4°C, le culot bactérien est repris dans 4ml de tampon P1 (50 mM Tris-HCl, 10mM EDTA, 400 µg/ml RNase A, pH 8) et 4ml de tampon P2 (200 mM NaOH, 1% SDS). Le mélange est incubé à température ambiante

25 pendant 5 minutes. Après adjonction de 4ml de tampon P3 (2,55 M d'acétate de potassium, pH 4,8) le mélange est centrifugé à 12000 g pendant 30 minutes à 4°C. Le surnageant est appliqué sur une colonne Qiagen-type 100, prééquilibrée avec 2 ml de tampon QBT (750 mM NaCl, 50 mM MOPS, 15% éthanol, pH 7), la colonne est lavée avec 2 fois 4ml de tampon QC (1M NaCl, 50 mM MOPS, 15 % éthanol, pH 7) et

30 l'ADN est élué avec 2ml de tampon QF (1,2 M NaCl, 50mM MOPS, 15 % éthanol, pH 8). L'ADN est précipité avec 0,8 vol. d'isopropanol, et centrifugé à 12000 g à 4°C

pendant 30 minutes. Le culot est lavé avec de l'éthanol à 70 % glacé, puis l'ADN plasmidique est repris par 2 fois 150 µl de tampon TE.

Les sondes ribonucléiques sont utilisées comme sondes spécifiques, en particulier pour la détection des transcrits exprimés par les séquences rétrovirales endogènes selon l'invention.

Bibliographie :

- Benit L. et al., 1997. Cloning of a new murine endogenous retrovirus MuERV-L, with strong similarity of the human HERV-L element and with a *gag* coding sequence closely related to the Fv1 restriction gene. *J. Virol.* 71, 5652-5657.
- 10 - Coffin J.M. 1985. Endogenous retrovirus. In: "RNA tumor viruses" (Weiss R.A., Varmus H.E., Teich N.M., and Coffin J.M. eds), Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor, New York.
- Conrad B., Weissmahr R.N., Boni J., Arcari R., Schupbach J., and Mach B. 1997. A human endogenous retroviral superantigen as candidate autoimmunogene in type 1
- 15 diabetes. *Cell* 90, 303-313.
- Covey S.N. 1986. Amino acid sequence homology in *gag* region of reverse transcribing elements and the coat protein gene of cauliflower mosaic virus. *Nucleic Acids Res.* 14, 623-633.
- Hertig C., Coupar B.E., Gould A.R., and Boyle D.B. 1997. Field and vaccine strains of
- 20 fowlpox virus carry integrated sequences from the avian retrovirus, reticuloendotheliosis virus. *Virology* 235, 367-376.
- Hohenadl C., Leib-Mösch C., Hehlmann R., and Erfle Y. 1996. Biological significance of human endogenous retroviral sequences. *J. Acqui. Imm. Def. Synd. Hum. Retrovir.* 13, S268-S273.
- 25 - Kulkoski J.K., Jones S., Katz R.A., Mack J.P.G., and Skalka A.M. 1992. Residues critical for retroviral integrative recombination in a region that is highly conserved among retroviral/retrotransposon integrases and bacterial insertion sequence transposases. *Mol. Cell. Biol.* 12, 2331-2338.
- La Mantia G. et al, N.A.R., 1991, 19, 7, 1513-1520
- 30 - Patience C., Wilkinson D.A., and Weiss R.A. 1997. Our retroviral heritage. *Trends Genet.* 13, 116-120.

- Pearson W.R. 1994. Using the FASTA program to search protein and DNA sequence databases. *Methods Mol. Biol.* 24, 307-331.
- Perron H., Garson J.A., Bedin F., Beseme F., Paranhos-Baccala G., Komurian-Pradel F., Mallet F., Tuke P.W., Voisset C., Blond J.L., Lalande B., Seigneurin J.M., Mandrand B.
- 5 and the Collaborative Research Group on Multiple Sclerosis. 1997. Molecular identification of a novel retrovirus repeatedly isolated from patients with multiple sclerosis. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 94, 7583-7588.
- Tönjes R.R. et al., *J. AIDS and Hum. Retrovirol*, 1996, 13, S261-S267
- Vitelli R., Chiarillo M., Lattero D., Bruni C.B., and Bucci C. 1996. Molecular cloning
- 10 and expression analysis of the human Rab7 GTP-ase complementary deoxyribonucleic acid. *Biochem. Biophys. Res. Commun.* 229, 887-890.
- Weber L.T., Miller M., Jaskolski M., Leis J., Skalka M., and Wlodawer A. 1989. Molecular modeling of the HIV-1 protease and its substrate binding site. *Science* 243, 928-931.
- 15 - Wilkinson D., Mager D.L., and Leong J.A.C. 1994. Endogenous human retroviruses. In: "The Retroviridae" (Levy, J.A. ed), Plenum Press New York, , Vol. 3, 465-535.
- Xiong Y., and Eickbush, T. 1990. Origin and evolution of retroelements based upon their reverse transcriptase sequences. *EMBO J.* 9, 3353-3362.

20 Ainsi que cela ressort de ce qui précède, l'invention ne se limite nullement à ceux de ses modes de mise en œuvre, de réalisation et d'application qui viennent d'être décrits de façon plus explicite ; elle en embrasse au contraire toutes les variantes qui peuvent venir à l'esprit du technicien en la matière, sans s'écarter du cadre, ni de la portée, de la présente invention.

PROPRIETE

LISTE DE SEQUENCES

(1) INFORMATIONS GENERALES:

(i) DEPOSANT:

- (A) NOM: INSTITUT NATIONAL DE LA RECHERCHE MEDICALE -
INSERM
(B) RUE: 101 RUE DE TOLBIAC
(C) VILLE: PARIS
(E) PAYS: FRANCE
(F) CODE POSTAL: 75654 CEDEX

(ii) TITRE DE L'INVENTION: FAMILLE DE SEQUENCES NUCLEIQUES ET DE SEQUENCES PROTEIQUES DEDUITES PRESENTANT DES MOTIFS RETROVIRAUX ENDOGENES HUMAINS ET LEURS APPLICATIONS.

(iii) NOMBRE DE SEQUENCES: 51

(iv) FORME DECHIFFRABLE PAR ORDINATEUR:

- (A) TYPE DE SUPPORT: Floppy disk
(B) ORDINATEUR: IBM PC compatible
(C) SYSTEME D' EXPLOITATION: PC-DOS/MS-DOS
(D) LOGICIEL: PatentIn Release #1.0, Version #1.30 (OEB)

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 1: 7env

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

- (A) LONGUEUR: 2599 paires de bases
(B) TYPE: nucléotide
(C) NOMBRE DE BRINS: simple
(D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: ADN (génomique)

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 1:

ATCCCCTGCC TTAATCGCCA AGCTCCTTCA GGAGAACAAA GAACAGGCCA TTACCCTGGA	60
GAAGACTGGC AACTGATTTT ACCACAAGC CCAAACCTCA GGGATTTCAG TATCTACTAG	120
TCTGGGTAGA TACTTTCACG GGTGCGGCAG AGGCCTTCCC CTGTAGGACA GAAAAGGCCC	180
AAGAGGTAAT AAAGGCACTA GTTCATGAAA TAATTCCTCAG ATTCGGACTT CCCCAGGCT	240
TACAGAGTGA CAATAGCCCT GCTTTCACG CCACAGTAAC CCAGGGAGTA TCCAGGCGT	300
TAGGTATACG ATATCACTTA CACTGCGCCT GAAGGCCACA GTCCTCAGG AAGGTCGAGA	360
AAATGAATGA AACACTCAA GGACATCTAA AAAAGCAAAC CCAGGAAACC CACCTCACAT	420
GGCCTGCTCT GTTGCCTATA GCCTTAAAA GAATCTGCAA CTTTCCCCAA AAAGCAGGAC	480
TTAGCCCATA CGAAATGCTG TATGGAAGGC CCTTCATAAC CAATGACCTT GTGCTTGACC	540
CAAGACAGCC AACTTAGTTG CAGACATCAC CTCCTTAGCC AAATATCAAC AAGTTCTTAA	600
AACATTACAA GGAACCTATC CCTGAGAAGA GGGAAAAGAA CTATTCCACC CTGTGACAT	660
GGTATTAGTC AAGTCCCTTC CCTCTAATTC CCCATCCCTA GATACATCCT GGGAAGGACC	720
CTACCCAGTC ATTTTATCTA CCCCAACTGC GGTAAAGTG GCTGGAGTGG AGTCTTGAT	780
ACATCACACT TGAGTCAAAT CCTGGATACT GCCAAAGGAA CCTGAAAATC CAGGAGACAA	840

CGCTAGCTAT TCCTGTGAAC CTCTAGAGGA TTTGCGCCTG CTCTTCAAAC AACAAACCAGG	900
AGGAAAGTAA CTAAATCAT AAATCCCCAT GGCCCTCCCT TATCATATTT TTCTCTTTAC	960
TGTTCTTTTA CCCTCTTTCA CTCTCACTGC ACCCCCTCCA TGCCGCTGTA TGACCAGTAG	1020
CTCCCCTTAC CAAGAGTTTC TATGGAGAAT GCAGCGTCCC GGAAATATTG ATGCCCCATC	1080
GTATAGGAGT CTTTCTAAGG GAACCCCCAC CTTCACTGCC CACACCCATA TGCCCCGCAA	1140
CTGCTATCAC TCTGCCACTC TTTGCATGCA TGCAAATACT CATTATTGGA CAGGAAAAAT	1200
GATTAATCCT AGTTGTCTCTG GAGGACTTGG AGTCACTGTC TGTGGACTT ACTTCACCCA	1260
AAGTGGTATG TCTGATGGGG GTGGAGTTCA AGATCAGGCA AGAGAAAAAC ATGTAAAAAG	1320
AGTAATCTCC CAACTCACCC GGTACATGG CACCTCTAGC CCCTACAAAG GACTAGATCT	1380
CTCAAACTA CATGAAACCC TCCGTACCCA TACTCGCCTG GTAAGCCTAT TTAATACCAC	1440
CCTCACTGGG CTCCATGAGG TCTCGGCCCA AAACCTACT AACTGTTGGA TATGCCTCCC	1500
CCTGAACTTC AGGCCATATG TTTCAATCCC TGTACCTGAA CAATGGAACA ACTTCAGCAC	1560
AGAAATAAAC ACCACTTCG TTTTAGTAGG ACCTCTTGTT TCCAATCTGG AAATAACCCA	1620
TACCTCAAAC CTCACCTGTG TAAAATTTAG CAATACTACA TACACAACCA ACTCCCAATG	1680
CATCAGGTGG GTAACCTCTC CCACACAAAT AGTCTGCCTA CCCTCAGGAA TATTTTTTGT	1740
CTGTGGTACC TCAGCCTATC GTTGTGTTGAA TGGCTCTTCA GAATCTATGT GCTTCCTCTC	1800
ATTCTTAGTG CCCCCTATGA CCATCTACAC TGAACAAGAT TTATACAGTT ATGTCATATC	1860
TAAGCCCCGC AACAAAAGAG TACCCATTCT TCCTTTTGTT ATAGGAGCAG GAGTGCTAGG	1920
TGCACTAGGT ACTGGCATTG GCGGTATCAC AACCTCTACT CAGTTCTACT ACAAACCTATC	1980
TCAAGAACTA AATGGGGACA TGGAACGGGT CGCCGACTCC CTGGTCACCT TGCAAGATCA	2040
ACTTAACCTC CTAGCAGCAG TAGTCCTTCA AAATCGAAGA GCTTTAGACT TGCTAACCGC	2100
TGAAAGAGGG GGAACCTGTT TATTTTTAGG GGAAGAATGC TGTATTATG TTAATCAATC	2160
CGGAATCGTC ACTGAGAAAG TTAAAGAAAT TCGAGATCGA ATACAACGTA GAGCAGAGGA	2220
GCTTCGAAAC ACTGGACCCT GGGGCCTCCT CAGCCAATGG ATGCCCTGGA TTCTCCCCTT	2280
CTTAGGACCT CTAGCAGCTA TAATATTGCT ACTCCTCTTT GGACCCTGTA TCTTTAACCT	2340
CCTTGTTAAC TTTGTCTCTT CCAGAATCGA AGCTGTAAAA CTACAAATGG AGCCCAAGAT	2400
GCAGTCCAAG ACTAAGATCT ACCGCAGACC CCTGGACCGG CCTGCTAGCC CACGATCTGA	2460
TGTTAATGAC ATCAAAGGCA CCCCTCCTGA GGAAATCTCA GCTGCACAAC CTCTACTACG	2520
CCCCAATTCA GCAGGAAGCA GTTAGAGCGG TCTCGGCCAA CCTCCCCAAC AGCACTTAGG	2580
TTTTCTGTGTT GAGATGGGG	2599

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 2: gag

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
- (A) LONGUEUR: 1326 paires de bases
 - (B) TYPE: nucléotide
 - (C) NOMBRE DE BRINS: simple
 - (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: ADN (génomique)

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 2:

GCCGCCTGGC ACTCCTGAGG GAAGTATAAA TTATAACACC ATCTTACAGC TAGACCTCTT	60
TTGTAGAAAA GGCAAATGGA GTGAAGTGCC ATAAGTACAA ACTTTCTTTT CATTAAAGAGA	120
CAACTCACAA TTATGTAAAA AGTGTGATTT ATGCCCTACA GGAAGCCTTC AGAGTCTACC	180
TCCCTATCCC AGCATCCCCG ACTCCTTCCC CAACTAATAA GGACCCCCCT TCAACCCAAA	240
TGGTCCAAAA GGAGATAGAC AAAAGGGTAA ACAGTGAACC AAAGAGTGCC AATATTCCCC	300
AATTATGACC CCTCCAAGCA GTGGGAGGAA GAGAATTTCG CCCAGCCAGA GTGCATGTGC	360
CTTTTTCTCT CCCAGACTTA AAGCAAATAA AACAGACTT AGGTAAATTC TCAGATAACC	420
CTGATGGCTA TATTGATGTT TTACAAGGGT TAGGACAATT CTTTGATCTG ACATGGAGAG	480
ATATAATGTC ACTGCTAAAT CAGACACTAA CCCCAAATGA GAGAAGTGCC ACCATAACTG	540
CAGCCTGAGA GTTTGGCGAT CTCTGGTATC TCAGTCAGGT CAATGATAGG ATGACAACAG	600
AGGAAAGAGA ATGATTCCCC ACAGGCCAGC AGGCAGTTCC CAGTCTAGAC CCTCATTGGG	660
ACACAGAATC AGAACATGGA GATTGGTGCT GCAGACATTT GCTAACTTGT GTGCTAGAAG	720
GACTAAGGAA AACTAGGAAG AAGTCTATGA ATTACTCAAT GATGTCCACC ATAACACAGG	780
GAAGGGAAGA AAATCCTACT GCCTTTCTGG AGAGACTAAG GGAGGCATTG AGGAAGCGTG	840
CCTCTCTGTC ACCTGACTCT TCTGAAGGCC AACTAATCTT AAAGCGTAAG TTTATCACTC	900
AGTCAGCTGC AGACATTAGA AAAAACTTC AAAAGTCTGC CGTAGGCCCG GAGCAAACT	960
TAGAAACCCT ATTGAACTTG GCAACCTCGG TTTTTTATAA TAGAGATCAG GAGGAGCAGG	1020
CGGAACAGGA CAAACGGGAT TAAAAAAG GCCACCGCTT TAGTCATGAC CCTCAGGCAA	1080
GTGGACTTTG GAGGCTCTGG AAAAGGGAAA AGCTGGGCAA ATTGAATGCC TAATAGGGCT	1140
TGCTTCCAGT GCGGTCTACA AGGACACTTT AAAAAAGATT GTCCAAGTAG AAGTAAGCCG	1200
CCCCCTCGTC CATGCCCCCTT ATTTCAAGGG AATCACTGGA AGGCCCACTG CCCAGGGGA	1260
CAAAGGTCCT CTGAGTCAGA AGCCACTAAC CAGATGATCC AGCAGCAGGA CTGAGGGTGC	1320
CTGGGG	1326

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 3: **HERV-7q**

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
 - (A) LONGUEUR: 10499 paires de bases
 - (B) TYPE: nucléotide
 - (C) NOMBRE DE BRINS: simple
 - (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: ADN (génomique)

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 3:

CCCTGGGGCG GGCTTCCTTT CTGGGATGAG GGCAAACGC CTGGAGATAC AGCAATTATC	60
TTGCAACTGA GAGACAGGAC TAGCTGGATT TCCTAGGCCG ACTAAGAATC CCTAAGCCTA	120

GCTGGGAAGG TGACCACGTC CACCTTTAAA CACGGGGCTT GCAACTTAGC TCACACCTGA	180
CCAATCAGAG AGCTCACTAA AATGCTAATT AGGCAAAGAC AGGAGGTAAA GAAATAGCCA	240
ATCATCTATT GCCTGAGAGC ACAGCAGGAG GGACAACAAT CGGGATATAA ACCCAGGCAT	300
TCGAGCTGGC AACAGCAGCC CCCCTTTGGG TCCCTTCCCT TTGTATGGGA GCTGTTTTCA	360
TGCTATTTCA CTCTATTAAA TCTTGCAACT GCACTCTTCT GGTCCATGTT TCTTACGGCT	420
CGAGCTGAGC TTTTGCTCAC CGTCCACCAC TGCTGTTTGC CACCACCGCA GACCTGCCGC	480
TGACTCCCAT CCCTCTGGAT CCTGCAGGGT GTCCGCTGTG CTCCTGATCC AGCGAGGCGC	540
CCATTGCCGC TCCCAATTGG GCTAAAGGCT TGCCATTGTT CCTGCACGGC TAAGTGCCTG	600
GGTTTGTCT AATTGAGCTG AACACTAGTC ACTGGGTTCC ATGGTTCTCT TCTGTGACCC	660
ACGGCTTCTA ATAGAACTAT AACACTTACC ACATGGCCCA AGATTCCATT CCTTGGAAATC	720
CGTGAGGCCA AGAACTCCAG GTCAGAGAAT ACGAGGCTTG CCACCATCTT GGAAGCGGCC	780
TGCTACCATC TTGGAAGTGG TTCACCACCA TCTTGGGAGC TCTGTGAGCA AGGACCCCCC	840
GGTAACATTT TGGCAACCAC GAACGGACAT CCAAAGTGGT GAGTAATATT GGACCACTTT	900
CACTTGCTAT TCTGTCCTAT CCTTCCTTAG AATTGGAGGA AAATACCGGG CACTTGTCGG	960
CCAGTTAAAA ACGATTAGTG TGGCCACCGG ACTTAAGACT CAGGTGTGAG GCTATCTGGG	1020
GAAGGGCTTT CTAACAACCC CCAACCCTTC TGGGTGGGG ACTTGGTTTG CCTCAAGCCA	1080
GCTTCCACTT TCAGTTTCT TGGGGAAGCC GAGGGCCGAC TAGAGGCAGA AAGCTGTCGT	1140
CCTGAACTCC CGGCAGTAGC CGGTTGAGAT CATGGTGTAG CCAGAAGTCT CAACAGTCGC	1200
CCATGCATGC ACCCTATCT TTCCTTCTGA CCCATACCTC CTGGGTCCCA ACCACAACCTT	1260
TCTTCAAAGT GTAGCCCCAA AATTCTCCTT ACCTCTGAAT ATACTTCCTC TGATCCCTGC	1320
CTCCTAGGTA CTATTGGTTC AGACTTCCAT TTCCTCTAGC AAGTTGTATC TCCAAAGGGA	1380
TCTAAGGAAG CTCTGCGCTG CGTCCTTAGG CACCTAGGCT ATAACCCAGG GAGTCTTATC	1440
CCTGGTGTCC CTCCCAATTT AGGCATACAG CTCTTGACAT GGGCAGTTAT GTAGGACCCA	1500
CTCCCCACCA CCCTTGCCAG GGCCCCAAGT TTGTAAATGG CTGAGGGAAA AGAGAGACAG	1560
AGGAGAGAGA GAGAAATGGA GGAGAAAGAG AGAGAGACAG AGAGGAGAGA GAGACAGTGA	1620
GAGAGACAGA AGAGAGAGAG AGACAAAGAG GAGAGAGAGA GAGTCAAAGA GAGAAAGAAA	1680
GAGAAAGAAA TAGTAAAAAA CAGTGTGCC TATTCCTTTA AAAGCCAGGG TAAATTTAAA	1740
ACCTGTACTT GATAATTGAA GGTCTTCTCT GTGACCCTAT AGCACTCCAA TCCACTTTGT	1800
GGTCAGTGTA AATAAGAGCA TAGGCCGAAA GCACTGAGGC CATTGACAAC CCGTAGCTTC	1860
CCTATCAAAA ATCCTTAACC CAGTAACCCG CAGATGGACC AAATGCATTC AGTCGGTAGC	1920
GCAACTGCTT TGCTAAAAGT AGAAAAGTAA CTTTGTAGAGG AAACCTCATT GTGAGCACAC	1980
CTCACCTGTT CAGAATTATT CTAATAAAAA AAGCAAAAAG GTAGCTTACT AACTCAAAAA	2040
TCTTAAAGTA TGGGGCTATT CTGTTAGAAA AAGGTAATGT AACTCCAACC ACTGATAATT	2100
CCCTTAACCC AGCAGATTTT CTAACGGGAT TTAAATCTTA ATTACCATAC AAAGGTCCGA	2160
CCAGACCTAG GCGGAACCTC CTTCAGGACA GGACGATAGA TGGTTCCTCC CAGGTGATTG	2220

AGGAAAAAAAA CCACAATGGG TATTCAGTAA TTGATACGGG GACTCTTGTG GAAGCAGAGT	2280
TAGAAAAATT GCCTAATAAC TGGTCTCCTC AAACGTGTGA GCTGTTTGCA CTCAGCCAAG	2340
CCTTAAAGTA CTTACAGAAT CAAAAGACTA TCTCAATCCT GATTCAAAAG GTTAGCTACA	2400
CCCTCTCTGT AATGCATTTG CATAAGAACT TGTTTATGGG AATGCATCTT GATGGGGCAG	2460
CTGGGTGTGT ATAAAATAGG AACCCAGCCC AGCTCTAGGA CTCACCCCTG AGCGCAAAGG	2520
CAATGTTGGG CATGCTGGTA AAGGACCACT AGAATCCAGC AGCCCAGACC CCTTTCTTTG	2580
TGGTCAAGAA AGGCGGGAAA AGGGGTGCAG GACTGCTACA TCGGTAAGCA TAACTAATCC	2640
GATAACAGA GGTCCATGGG TGTTACGCA CCCTGGAAAG GAACTCACCC CTGAGCACAA	2700
AGGCAATGTT GGGCACGCTG GTAAAGGACC ACTAGAATCC AGCAGCCTGG ACCCCTTTCT	2760
TTGTGGTCAA GAGAGGCAGG AAAACAGGTG CAGGACTGCA ACATCAGTGA GCATAACTAA	2820
TTGATAAGC AGAGGTCCAT GGGTGGTGAT GCACCCTGGA AAGAATAAGC ATTAGGACCA	2880
TAGAGGACAC TCCAGGACTA AAGCTCATCG GAAAATGACT AGGGTTGCTG GCATCCCTAT	2940
GTTCTTTTTT CAGATGGGAA ACGTTCCCCG CAAGACAAA ACGCCCCTAA GACGTATTCT	3000
GGAGAATTGG GACCAATTTG ACCCTCAGAC ACTAAGAAAG AAACGACTTA TATTCTTCTG	3060
CAGTGCCGCC TGGCACTCCT GAGGGAAGTA TAAATTATAA CACCATCTTA CAGCTAGACC	3120
TCTTTTGTAG AAAAGGCAAA TGGAGTGAAG TGCCATAAGT ACAAACCTTC TTTCATTAA	3180
GAGACAACCT ACAATTATGT AAAAAGTGTG ATTTATGCCC TACAGGAAGC CTCAGAGTC	3240
TACCTCCCTA TCCCAGCATC CCCGACTCCT TCCCCAATA ATAAGGACCC CCCTTCAACC	3300
CAAATGGTCC AAAAGGAGAT AGACAAAAGG GTAAACAGTG AACCAAAGAG TGCCAATATT	3360
CCCCAATTAT GACCCCTCCA AGCAGTGGGA GGAAGAGAAT TCGGCCCAGC CAGAGTGCAT	3420
GTGCCTTTTT CTCTCCCAGA CTAAAGCAA ATAAAAACAG ACTTAGGTAA ATTCTCAGAT	3480
AACCCTGATG GCTATATTGA TGTTTTACAA GGGTTAGGAC AATTCTTTGA TCTGACATGG	3540
AGAGATATAA TGTCACCTGCT AAATCAGACA CTAACCCCAA ATGAGAGAAG TGCCACCATA	3600
ACTGCAGCCT GAGAGTTTGG CGATCTCTGG TATCTCAGTC AGGTCAATGA TAGGATGACA	3660
ACAGAGGAAA GAGAATGATT CCCACAGGC CAGCAGGCAG TTCCCAGTCT AGACCCCTCAT	3720
TGGGACACAG AATCAGAACA TGGAGATTGG TGCTGCAGAC ATTTGCTAAC TTGTGTGCTA	3780
GAAGGACTAA GGAAACTAG GAAGAAGTCT ATGAATTACT CAATGATGTC CACCATAACA	3840
CAGGGAAGGG AAGAAATCC TACTGCCTTT CTGGAGAGAC TAAGGGAGGC ATTGAGGAAG	3900
CGTGCCTCTC TGTCACCTGA CTCTTCTGAA GGCCAACTAA TCTTAAAGCG TAAGTTTATC	3960
ACTCAGTCAG CTGCAGACAT TAGAAAAAAA CTTCAAAAGT CTGCCGTAGG CCCGGAGCAA	4020
AACTTAGAAA CCCTATTGAA CTTGGCAACC TCGGTTTTTT ATAATAGAGA TCAGGAGGAG	4080
CAGGCGGAAC AGGACAAACG GGATTAAAAA AAAGGCCACC GCTTTAGTCA TGACCCCTCAG	4140
GCAAGTGGAC TTTGGAGGCT CTGGAAAAGG GAAAAGCTGG GCAAATTGAA TGCCTAATAG	4200
GGCTTGCTTC CAGTGCGGTC TACAAGGACA CTTTAAAAA GATTGTCCAA GTAGAAGTAA	4260

GCCGCCCCCT CGTCCATGCC CCTTATTTCA AGGGAATCAC TGGAAGGCCC ACTGCCCCAG	4320
GGGACAAAGG TCCTCTGAGT CAGAAGCCAC TAACCAGATG ATCCAGCAGC AGGACTGAGG	4380
GTGCCTGGGG CAAGCGCCAT CCCATGCCAT CACCCTCACA GAGCCCTGGG TATGCTTGAC	4440
CATTGAGGGC CAGGAGGTTG TCTCCTGGAC ACTGGTGCGG TCTTCTTAGT CTTACTCTTC	4500
TGTCCCGGAC AACTGTCCTC CAGATCTGTC ACTATCTGAG GGGGTCCTAA GACGGGCAGT	4560
CACTAGATAC TTCTCCCAGC CACTAAGTTA TGA CTGGGGA GCTTTATTCT TTTCACATGC	4620
TTTTCTAATT ATGCTTGAAA GCCCCACTAC CTTGTTAGGG AGAGACATTC TAGCAAAAGC	4680
AGGGGCCATT ATACACCTGA ACATAGGAGA AGGAACACCC GTTTGTTGTC CCCTGCTTGA	4740
GGAAGGAATT AATCCTGAAG TCTGGGCAAC AGAAGGACAA TATGGACGAG CAAAGAATGC	4800
CCGTCTGTGTT CAAGTTAAAC TAAAGGATTC CACCTCCTTT CCCTACCAA GGCAGTACCC	4860
CCTCAGACCC AAGGCCAAC AAGGACTCCA AAAGATTGTT AAGGACCTAA AAGCCCAAGG	4920
CCTAGTAAAA CCATGCAGTA ACCCCTGCAG TACTCCAATT TTAGGAGTAC AGAAACCCAA	4980
CAGACAGTGG AGGTTAGTGC AAGATCTCAG GATTATCAAT GAGGCTGTTG TTCCTCTATA	5040
GCCAGCTGTA CCTAGCCCTT ATACTCTGCT TTCCCAAATA CCAGAGGAAG CAGAGTGGTT	5100
TACAGTCTTG GACCTTCAGG ATGCCTTCTT CTGCATCCCT GTACATCCTG ACTCTCAATT	5160
CTTGTTTGCC TTTGAAGATA CTTCAAACCC AACATCTCAA CTCACCTGGA CTATTTTACC	5220
CCAAGGGTTC AGGGATAGTC CCCATCTATT TGGCCAGGCA TTAGCCCAAG ACTTGAGCCA	5280
ATCCTCATAC CTGGACACTT GTCCTTCGGT AGGTGGATGA TTTACTTTTG GCCGCCCAT	5340
CAGAAACCTT GTGCCATCAA GCCACCCAAG CGCTCTTCAA TTTCTCGCT ACCTGTGGCT	5400
ACATGGTTTC CAAACCAAAG GCTCAACTCT GCTCACAGCA GGTTACTTAG GGCTAAAATT	5460
ATCCAAAGGC ACCAGGGCCC TCAGTGAGGA ACACATCCAG CCTATACTGG CTTATCCTCA	5520
TCCCAAAACC CTAAAGCAAC TAAGGGGATT CCTTGGCGTA ATAGGTTTCT GCCGAAAATG	5580
GATTCCCAGG TATGGCGAAA TAGCCAGGTC ATTAAATACA CTAATTAAGG AAACTCAGAA	5640
AGCCAATACC CATTTAGTAA GATGGACAAC TGAAGTAGAA GTGGCTTTCC AGGCCCTAAC	5700
CCAAGCCCCA GTGTTAAGTT TGCCAACAGG GCAAGACTTT TCTTCATATG TCACAGAAAA	5760
AACAGGAATA GCTCTAGGAG TCCTTACACA GATCCGAGGG ATGAGCTTGC AACCTGTGGC	5820
ATACCTGACT AAGGAAATTG ATGTAGTGGC AAAGGGTTGA CCTCATTGTT TACGGGTAGT	5880
GGTGGCAGTA GCAGTCTTAG TATCTGAAGC AGTTAAAATA ATACAGGGAA GAGATCTTAC	5940
TGTGTGGACA TCTCATGATG TGAATGGCAT ACTCACTGCT AAAGGAGACT TGTGGCTGTC	6000
AGACAACTGT TTACTTAAAT GTCAGGCTCT ATTACTTGAA GGGCCAGTGC TGCGACTGTG	6060
CACTTG TGCA ACTCTTAACC CAGCCACATT TCTTCCAGAC AATGAAGAAA AGATAAAACA	6120
TAAGTGTCAA CAAGTAATTT CTCAAACCTA TGCCACTCGA GGGGACCTTT TAGAGGTTCC	6180
TTTGA CTGAT CCCGACCTCA ACTTGATATAC TGATGGAAGT TCCTTTGTAG AAAAAGGACT	6240
TCGAAAAGTG GGGTATGCAG TGGTCAGTGA TAATGGAATA CTTGAAAGTA ATCCCCTCAC	6300
TCCAGGA ACT AGTGCTCAGC TAGCAGAACT AATAGCCCTC ACTTGGGCAC TAGAATTAGG	6360

AGAAGAAAA AGGGCAAATA TATATACAGA CTCTAAATAT GCTTACCTAG TCCTCCATGC	6420
CCATGCAGCA ATATGGAAAG AAAGGGAATT CCTAATTCT GAGAGAACAC CTATCAAACA	6480
TCAGGAAGCC ATTAGGAAAT TATTATTGGC TGTACAGAAA CCTAAAGAGG TGGCAGTCTT	6540
ACACTGCCCG GGTATCAGA AAGGAAAGGA AAGGGAAATA GAAGAGAACT GCCAAGCAGA	6600
TATTGAAGCC AAAAGAGCTG CAAGGCAGGA CCCTCCATTA GAAATGCTTA TAAAACAACC	6660
CCTAGTATAG GGTAATCCCC TCCGGGAAAC CAAGCCCCAG TACTCAGCAG GAGAAACAGA	6720
ATGGGGAACC TCACGAGGAC AGTTTTCTCC CCTCGGACG GCTAGCCACT GAAGAAGGGA	6780
AAATACTTTT GCCTGCAACT ATCCAATGGA AATTACTTAA AACCCCTTCAT CAAACCTTTC	6840
ACTTAGGCAT CGATAGCACC CATCAGATGG CCAAATCATT ATTTACTGGA CCAGGCCTTT	6900
TCAAACTAT CAAGCAGATA GTCAGGGCCT GTGAAGTGTG CCAGAGAAAT AATCCCCTGC	6960
CTTATCGCCA AGCTCCTTCA GGAGAACAAA GAACAGGCCA TTACCCTGGA GAAGACTGGC	7020
AACTGATTTT ACCCACAAGC CCAAACCTCA GGGATTTCAG TATCTACTAG TCTGGGTAGA	7080
TACTTTCACG GGTTGGGCAG AGGCCTTCCC CTGTAGGACA GAAAAGGCC AAGAGSTAAT	7140
AAAGGCACTA GTTCATGAAA TAATTCCCAG ATTCCGACTT CCCCAGGCT TACAGAGTGA	7200
CAATAGCCCT GCTTCCAGG CCACAGTAAC CCAGGGAGTA TCCCAGGCGT TAGGTATACG	7260
ATATCACTTA CACTGCGCCT GAAGGCCACA GTCCTCAGGG AAGGTCGAGA AAATGAATGA	7320
AACACTCAAA GGACATCTAA AAAAGCAAAC CCAGGAAACC CACCTCACAT GGCCTGCTCT	7380
GTTGCCTATA GCCTTAAAA GAATCTGCAA CTTTCCCCAA AAAGCAGGAC TTAGCCCAT	7440
CGAAATGCTG TATGGAAGGC CCTTCATAAC CAATGACCTT GTGCTTGACC CAAGACAGCC	7500
AACTTAGTTG CAGACATCAC CTCCTTAGCC AAATATCAAC AAGTTCTTAA AACATTACAA	7560
GGAACCTATC CCTGAGAAGA GGGAAAAGAA CTATTCCACC CTTGTGACAT GGTATTAGTC	7620
AAGTCCCTTC CCTCTAATTC CCCATCCCTA GATACATCCT GGGAAGGACC CTACCCAGTC	7680
ATTTTATCTA CCCCACCTGC GGTTAAAGTG GCTGGAGTGG AGTCTTGAT ACATCACACT	7740
TGAGTCAAAT CCTGGATACT GCCAAAGGAA CCTGAAAATC CAGGAGACAA CGCTAGCTAT	7800
TCCTGTGAAC CTCTAGAGGA TTTGCGCCTG CTCTTCAAAC AACAACCAGG AGGAAAGTAA	7860
CTAAAATCAT AAATCCCCAT GGCCCTCCCT TATCATATTT TTCTCTTAC TGTTCTTTTA	7920
CCCTCTTTCA CTCTCACTGC ACCCCCTCCA TGCCGCTGTA TGACCAGTAG CTCCCCTTAC	7980
CAAGAGTTTC TATGGAGAAT GCAGCGTCCC GGAAATATTG ATGCCCCATC GTATAGGAGT	8040
CTTCTAAGG GAACCCCCAC CTTCACTGCC CACACCCATA TGCCCCGCAA CTGCTATCAC	8100
TCTGCCACTC TTTGCATGCA TGCAAATACT CATTATTGGA CAGGAAAAAT GATTAATCCT	8160
AGTTGTCTTG GAGGACTTGG AGTCACTGTC TGTGGAAGTT ACTTCACCCA AACTGGTATG	8220
TCTGATGGGG GTGGAGTTCA AGATCAGGCA AGAGAAAAAC ATGTAAAAGA AGTAATCTCC	8280
CAACTACCC GGGTACATGG CACCTCTAGC CCCTACAAAG GACTAGATCT CTCAAACTA	8340
CATGAAACCC TCCGTACCCA TACTCGCCTG GTAAGCCTAT TTAATACCAC CCTCACTGGG	8400

CTCCATGAGG TCTCGGCCCA AAACCCTACT AACTGTTGGA TATGCCTCCC CCTGAACTTC	8460
AGGCCATATG TTTCAATCCC TGTACCTGAA CAATGGAACA ACTTCAGCAC AGAAATAAAC	8520
ACCACTTCCG TTTTAGTAGG ACCTCTTGTT TCCAATCTGG AAATAACCCA TACCTCAAAC	8580
CTCACCTGTG TAAAATTTAG CAATACTACA TACACAACCA ACTCCCAATG CATCAGGTGG	8640
GTAACCTCTC CCACACAAAT AGTCTGCCTA CCCTCAGGAA TATTTTTTGT CTGTGGTACC	8700
TCAGCCTATC GTTGTTTGAA TGGCTCTTCA GAATCTATGT GCTTCCTCTC ATTCTTAGTG	8760
CCCCCTATGA CCATCTACAC TGAACAAGAT TTATACAGTT ATGTCATATC TAAGCCCCGC	8820
AACAAAAGAG TACCCATTCT TCCTTTTGTT ATAGGAGCAG GAGTGCTAGG TGCACTAGGT	8880
ACTGGCATTG GCGGTATCAC AACCTCTACT CAGTTCTACT ACAAATATC TCAAGAACTA	8940
AATGGGGACA TGGAACGGGT CGCCGACTCC CTGGTCACCT TGCAAGATCA ACTTAACTCC	9000
CTAGCAGCAG TAGTCCTTCA AAATCGAAGA GCTTTAGACT TGCTAACCGC TGAAAGAGGG	9060
GGAACCTGTT TATTTTTAGG GGAAGAATGC TGTTATTATG TTAATCAATC CGGAATCGTC	9120
ACTGAGAAAG TTAAAGAAAT TCGAGATCGA ATACAACGTA GAGCAGAGGA GCTTCGAAAC	9180
ACTGGACCCT GGGGCCTCCT CAGCCAATGG ATGCCCTGGA TTCTCCCCTT CTTAGGACCT	9240
CTAGCAGCTA TAATATTGCT ACTCCTCTTT GGACCCTGTA TCTTTAACCT CTTGTGTAAC	9300
TTTGTCTCTT CCAGAATCGA AGCTGTAAAA CTACAAATGG AGCCCAAGAT GCAGTCCAAG	9360
ACTAAGATCT ACCGCAGACC CCTGGACCGG CCTGCTAGCC CACGATCTGA TGTTAATGAC	9420
ATCAAAGGCA CCCCTCCTGA GGAAATCTCA GCTGCACAAC CTCTACTACG CCCCAATTCA	9480
GCAGGAAGCA GTTAGAGCGG TCTCGGCCAA CCTCCCCAAC AGCACTTAGG TTTCTCTGTT	9540
GAGATGGGGG ACTGAGAGAC AGGACTAGCT GGATTTCCTA GGCTGACTAA GAATCCCTAA	9600
GCCTAGCTGG GAAGGTGACC ACATCCACCT TTAAACACGG GGCTTGCAAC TTAGCTCACA	9660
CCTGACCAAT CAGAGAGCTC ACTAAAATGC TAATTAGGCA AAGACAGGAG GTAAAGAAAT	9720
AGCCAATCAT CTATTGCC TGAGAGCAGC AGGAGGGACA ATGATCGGGA TATAAACCCA	9780
AGTCTTCGAG CCGGCAACGG CAACCCCTT TGGGTCCCCT CCCTTTGTAT GGGAGCTCTG	9840
TTTTCATGCT ATTTCACTCT ATTAAATCTT GCAACTGCAC TCTTCTGGTC CATGTTTCTT	9900
ACGGCTTGAG CTGAGCTTTC GCTCGCCATC CACCACTGCT GTTGCCCGCC ACCGCAGACC	9960
CGCCGCTGAC TCCCATCCCT CTGGATCATG CAGGGTGTCC GCTGTGCTCC TGATCCAGCG	10020
AGGCACCCAT TGCCGCTCCC AATCGGGCTA AAGGCTTGCC ATTGTTCTTG CATGGCTAAG	10080
TGCCTGGGTT CATCCTAATT GAGCTGAACA CTAGTCACTG GGTTCATGG TTCTCTTCTG	10140
TGACCCACAG CTTCTAATAG AGCTATAACA CTCACCGCAT GGCCCAAGGT TCCATTCTT	10200
GAATCCATAA GGCCAAGAAC CCCAGGTCAG AGAACACGAG GCTTGCCACC ATCTTGGGAG	10260
CTCTGTGAGC AAGGACCCCC AAGTAACACA ACCATGAGGG TGCAATGCA TGGGCCACTA	10320
ATGGTAGAGC AAGAAAACAG AAGGGCCCTG GTTCCTCGAA GGCATCAGTG AGCTGAAATG	10380
CCTGCCCTGG ATGTCCTATT CTTAGGTGTT TTTCTGCCTG AAGCAGATTA AACCTTTGT	10440
TCACTTCTCC AAGTAGGGCT TCTATTACAG CCCAAATCAA TCCCCACCCC AGATGACAT	10499

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 4: HE2

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
- (A) LONGUEUR: 2784 paires de bases
 - (B) TYPE: nucléotide
 - (C) NOMBRE DE BRINS: simple
 - (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: ADN (génomique)

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 4:

CTCCTTCAGGAGAACAAAGAACAGGCCACTACCCAAGAGAAGACTGGCAACTAGATTTTACCCATATGCCCAA
 ATCTCAGGGATTTTCAGTATCTACTAGTTTGGGTAGATACTTTCACTGGTTGGGCAGAGGCCCTTCCCCTGTAGG
 ACAGAAAAGGCCCAAGAGGTAATAAACGTTTCATGAAATAATTCCCAGATTCCGACTTCCCCAAGGCTTACAGA
 GTGACAATGGCCCTGCTTTCAAGGCTACAGTAACCCAAGGAGTATCCCAGGTGTTAGGTATACAATATCACTC
 ACACTGCGCCTGGAGGCCACAGTCCTCAGGAAAGGTGGAGAAAATGAACAAAACACTCAAATGACATCTAAAA
 AAGCTAATCCAGGAAACCCACCTCGCATGGCCTGCTCTGTTCCTATAGCCTTACTAAGAATCCGAAACTCTC
 CCCAAAAAGCAGGACTTAGTCCATACAAAATGCTGTATGGACGGCCCTTCCCTAACCAATGAACCTTGGGCTTGA
 CCGAGAGACAGCCAACCTTAGTTGCAGACATCATCTCCTTAGCCAAATATCAACAGGTTCTTAAACATTACAG
 GGAGCCTGTCCCCAAGAAGAGGGAAAGGAACCTATCCACCCTGGTGACATGGTATTAGTCAAGTCCCTTCCCT
 CTAATTCCCCATCCCTAGATACATCCTGGGAAGGAACTACCCAGCCATTTTATCTACCCTAACGGCAGTTAA
 AGTGGCTGGAGCGGAGTCTTGGATACATCACACTCAAGTCAAACCCCTGGATCTGCCAAAGGAACCTCAAAAAT
 CCATGAGACAATGCTAGCTATTCTGTGAACCTCTAGAGGATCTGCGCCTGCTCTTCAAATGACAACCGGGG
 GAAAGTAACTAAAAATCGTAAATCCCCTGGCCCTCCCTTATCATATTTTCTCTTTACTGTTCTCTTACCCCT
 TTCCTCTCACTGCACCCCGTCCATGCCACTGCACCCCGTCCATGCCCGTCCATGCCAGTAGCTCCCTTAG
 CAAGAGTTTCTATGGAGAATGCAGCGTCCCGGAAATATTGATGCCCCATTGTATAGGAGTTTATCTAAGGGAA
 CCCCCACCTTCACTGCCCACACCCATATGCCCCACAACCTGCTATAACTCTGCCACTCTTTCATGCATGCAAA
 TACTCATTATTGGACAGGAAAAACGATTAATCCCAGTTGTCTGGAGGACTTGGAGGACTCACTTCACTCATA
 CCAGTATGTCTGATGGGGGTGGAGTTCAAGATCAGGCAACAGAAAAACACATAAAGGAAGTAATCTCCCAACT
 GACCTGGGTACATAGCACCCCTGGCCCCCTACAAAGGACTAGATCTCTCAAACTACATGAAACCCCTCCATACC
 CATACTGGCCTGGTAAGCCTATTTAATACCACCCCTGACTGGGCTCCATGAGGTCTCGGCCCCAAACCCCTACTA
 ACTGTTGGATGTGCCTCCCCCTGCACCTTTAGGCCATACATTTCAATCCCTATACCTGAACAATGGAACAACTT
 CAGCACAGAAATAAACACCACTTCTGTTTTAGTAGGTCCTCTTCCAATCTGGAAATAACCCATACCTCAAAC
 CTCACCTGTGTAAAATTTAGCAATACTATAGACACAGCCAACCTCCAATGCATCAGGTGGGTAACCTCCTCCCA
 CACGAATAGTCTGCCTACCTCAGGAATATTTTTGTCTGTGGTACCTCAGCCTATCATTGTTTGAATGGCTC
 TTCAGAATCTGTGTGCTTCTCTCATTCTTAGTGGCCCTATGCCATCTACACTGAACAAGATTTATACAAT
 CATGTCATACCTAAGCCCCGCAACAAAAGAGTACCCATTCTTCTTTTGTATTGGAGCAGGAGTGCTAGGCG
 GAGTAGCTACTGGCATTGGCGGTATCACAACCTCTACTCAGTTCTACTACAACTGTCTCAAGAATAAATGG
 TGACATGGAATGGGTGCTGATACCCCTGGTCACCTTGCAAGATCAACTTAACCTCCCTAGCAGCAGTAGTCCTT
 CAAAATCGAAGAGCTTTAGACTTGCTAACCGCGGAAAGCGGGGAACCTTTTTATTTTATAGAGGAAAAATGCT
 GTTGTATGTTAATCAATCCGGAATCATCACCGAGAAAGTTAAAGAAATTCAGGTGCAATATAACGTAGAGC
 AAAGGAGCTGCAAAACACTGGACCCCTGGGCGCTCCTCAGCCAATGGATGCCCTGGATTCTCCCTTCTTAGGA
 CCTCTAGCAGCTATAATATTGTTACTCCTCTTTGGACCCCTGTATCTTAACTCCTTGTAAAGTTTGTCTTTT
 CCAGAATCGAAGCAGTAAACTACAAATCGTTCTTCAAATGGAGCCCCAGATGCAGTCCATGAGTAAAATCTA
 CCACGGACCCCTGGACCGGCTGCTAGCCCATGCTCTGATGTTAATGACATCAAAGGCACCCCTCCCGAGGAA
 ATCTCAACTGCACAACCTCTACTACGCCCCAATTCAGCAGGAAGCAGTTAGAGTGGTTGTTGGCCAACCTCCC
 CAACAGCAGTTGGGTTTTCTGTGAGAGGGGGGACTGAGAGACAGGAATAACTAGATTTCTTAGACCAACTA
 AGAATCCCTAAGACTAGCTGGGAAGGTGACCGCTTCCACCTTTAAACACCGGGCTTGCAACTTAGCTCACGCC
 CAACCAATCAGATACTAAAGAGAGCTCACTAAAATGCTAATTAGGCCAAAAACAGGAGATAAAGAAATAGCCAA
 TCATCTGTTG

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 5: HE3

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
- (A) LONGUEUR: 1799 paires de bases

- (B) TYPE: nucléotide
 (C) NOMBRE DE BRINS: simple
 (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: ADN (génomique)

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 5:

GGGATTCTTAGTCGGCCTAGGAAATCCAGCTAATCCTGTCTCTCAGTCCCCCACTCAACAGGAAAACCCAAG
 TGCTGTTGGGGAGGTTGGCTGACGACCAGTCTAAGTCTTCTGCGGAATTGGGGGCATAGTAGGGGTTGTGCA
 GTTGAGATTTCTCGGGAGGGGTGCGTTCGATATCATTACAATTGGAGCATGGGCTAGTAGGCCGGTCCAGGG
 GTCCACGGTAGATCTTAGTCATGGACTTCATCTGGGGTTCCATTTGAAGAACGATTTGTAGCTTTACAACCTTT
 GATTCTGGAAGAGACAACTTAACAAGGAGGTTAAAGATACAGGGTCCAAAGAGGAGTATCAATATTAGAGCT
 GCTAGAGATCCTAAGAAGGGGAGAATCCAGGGCATCCATTGGCTGAGGAGGCCCCAGGGTCTGGTGTGTTTTGA
 AGTCTCTGTCTTCTACGTTGTATTCAATCTCGAATTTCTTCAACTTTCTCTGTGACAATTCAGGATTGATTAA
 CATAATAACAACATCTTCCGCTAAAATAACATAATAACAACATTTCTCCCTAAAAATAAACAGCTTCCCCC
 TCTTTTCAGAGGTTAGCAAGTCTAAAGCTCTTCAATTTTGAAGGACTACTGATGCTAGGAAGTTAAGTTGATCT
 TGCAAGGTGACCAGGGAGTCGGCAACCCATTCCATGTCAACATTGAGTTCTTGAGATAGTTTGTAGTAGAACT
 GAGTAGAGGTTGTGGTACCGCCAATGCCAGAACCTAGTCCACCTAGCACTCCTGCTCCGATAACAAAAGGAAG
 AATGAGTACTCTTTTGTGTGGGGCTTAGGTACAACATAATTGTATAAATCTTGTTCAGTGTAATGGTCATG
 GGGGCACTAAGAATGAGAGGAAGCACATAGATTCTGAAGAGCCATTCAAACAACGATAGGCTAAGGTACCACA
 GACAAAAAATATTCTGAGGGTAGGCAGACTATTCGTGTGGGAGGAGTTACCCACCTGATGCATTGGGAGTTG
 GTTGTGTCTACAGTATTGCTAAATTTTACACAGGTGAGGTTTGAAGGTATGGGTTATTTCCAGATTGGAAACAA
 GAGGTCTACTAAACGGAAGTGGTGTGTTATTTCTGTGCTGTAGTTGTTCCATTGTTTCAGGTACAGGGATTGA
 AATGCATGGCCTGAAATACAGGGGGAGGCACAACCAACAGTTAGTAGGGTTTTGGACCGAGACCTCATGGAGC
 CCAGTGAGGGTGGTATTAAATAGGCTTACCAGGCAAGTATGGGTATGGAGGGTTTCATGTAGTTTAAAGAGAT
 CTAGTCTTTGTAGGGGCTAGGGGTGCTATGTACCGGGTCAGTTGGGAGGTTACTTCCTTTACATGTTTTTC
 TCTTGCTGATCTTGAATCCACCCCCCTCAGACATACCAGTATGGGTGAAGTAAGTCCGACAGACAGTGGCT
 CCAAGTCTTCCAGGACAACCTAGGATTAATCATTTTCCCTGTCCAATAATGAGTATTTGCATGCATGCAAAGAG
 TGGCAGAGTTATAGCAGTTGTGGGGCATATGGGTGTGGGCAGTGAAGGTGGAGTTTCTTTTAGGTAAACTCCT
 ATTTGATGGGGCATCAATATTTCTGGGAAGCCGCATTCTTCATAGAACTCTTGGAAGGGGAGCTGCTGGTT
 GTACAGCAGCATGGAGGGGGTGCAGTGAGAGTGAAAGGGGGTAAGAGAACAGTAAAGAGAAAAATATGATAAG
 GGAGGGCCATGGGGATTTACGATTTTAGTTACTTCTCCTCACGGTTGT

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 6: HG3

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
 (A) LONGUEUR: 1489 paires de bases
 (B) TYPE: nucléotide
 (C) NOMBRE DE BRINS: simple
 (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: ADN (génomique)

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 6:

TGGTGCTTGC CCCGGGCACT CTCAGTCTG CTGCTGGATC ATCTGGTTAG TGGCTTCTGA	60
CTCAGAGGAC CTACGTCCCC TGGGGCAGTG GGCCTTACAG TGATTCCCTT GACACGAGGT	120
GCATGGACGA GGGGGCGGCT TATTTCTATT TGGACAATCT TTTTAAAGT GTCCTTGTAG	180
ACCGCACTGG AAGCAAACCC TATTAGGCAT TTGATTTGCC TAGCTTTTCC CTTTCCAGT	240
GCCTCCAAAG TCCGCTTGCC TGAGGGCCAT GACTAAAGCG GTGGCCTTTT TTTTATCCCA	300
TTTGTCCCAT TCTGCCTGCT CATCCTGATC TCTATTATAA AAAACTGAGG TTGCCAAGTT	360
CAATAGGGTT TCTAAGTTTT GTTCCGGGCC TAAGGCAGAC TTTTGAAGTT TTTTCTAAT	420

GTCTGTAGCT GACTGAGTGA TAAACTTATC CTTTAAGATT AGTTGGCCTT CAGTAGAGTC	480
AGTTGACAGA GAGAGGTATG CTTCTCAAT GCCTCCGTTA GTCAGTCCAG AAAGGCGGTA	540
GGATTTTCTT CCTTCCCTG TGTTATAGTG GACATCATTG AATAACTCAC AGGCTTCTTT	600
CTAGTTTTC TTAGTCCTTC TAGCACGCAA GTTAGCAAAT GTCTGCGGCA CCAATCTCCA	660
TGTTCTGATT CTGTGTCCA GTGAGGGTCT AACTGGGAA CTGCCTGCTG GCCTGTGGGG	720
AATCGTTCTC TTTCTCTGT TGTCGACCTA TCATTGACCT GACTGAGATA CCAGAGATCG	780
CCAAACTCTC AGGCTGCAGT TACGGCGACA CTTCTGTCAT TTGGGGTTAG TGTCTGATTT	840
AGCAGTAACA TTATATCTCT CCATATCAGA TCAAAGGATT GTCCTAAACC TTGTAAACA	900
TCAATATAGC CATTAGGGTT ATCTGAGAAT TTACCTAGGT CTATTTTAAAT TTAAAGTCTG	960
GGAGAGAAAA AGGCACATGC ACTCTGGCTG GGCCGAATTC TCTTCTCCC ACTGCGTCTG	1020
AGAGAGAAAA AGGTACGTGC ACTCTGGCTG GGCCGAATTC TCCTCCCACC GCTTGGAGGG	1080
GGCATAATCG GGAATATTG GCATTCTTTG GTTAGTTGTT TACCCCTTTG TCTATCTCCT	1140
TTTGGACCGT TTGGGTTGAA GGGGGGTCCT TATTATTTGG GGAAGGAGTC TGGGGGATGC	1200
TGGGGTAGGG AGGTAGACTC TGAGGGCTTC CTGTAGGGCA TAAATCACAC TTTTACATA	1260
ATTGCGAGTT GTCTCTTAAT GAAAAGAAAG TTTGTACGTA TGACACTTCA CACCATTGTC	1320
CTTCTTTTCT ACAAAGAGG TCTAGCTGTA AGATGGTGTT ATAATTTATG CTTCCCTCAG	1380
GATGCCAGGT TTCTCCCCT TAAAGAGTAT ATCGTTGCCA GGCGGTACTG CAGAAGAATA	1440
TGTCTTTTTT TTCTTAGCAT CTGAGAGTCA AATTGGTCCC AATTCTCCA	1489

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 7: **HE4**

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
- (A) LONGUEUR: 1216 paires de bases
 - (B) TYPE: nucléotide
 - (C) NOMBRE DE BRINS: simple
 - (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: ADN (génomique)

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 7:

TAAAGATACA GGGATTGAAA TGTATGGCCT GAAGTGCAGG GTCATATAGG TGTGGGTGGT	60
GAAAATGGGG TTTCTTTAG AAAAATCCT ATACGATGGG TCATCAATAT TTCCAGGAAG	120
CCGCATTCTC CATAGAAGCT CTTGGTAATG GGAGCTACTG GTAGTACAGT GGATGGAGG	180
GGGTGCAGTG AGAGTGAAAG AGGGTAAAAG AACAGTAAAG AGAAAAATAT GATAAGGGAG	240
GGGTTCAGTG AGAGTGAAAG GGGGTAAGAG AACAGTAAAG AAAAAAATAT GACAAGGAGG	300
GCCATGAGGA TCTACGATTC TAGTTACTTT CCTCACGGTT GTCGCTTGAA GAGCAGGTGC	360
AGATCCTCTA GAGGTTTACA GGAATAGCTA GCGTTGTCTC CTGGATTTTC GGGTTCCTTT	420
GCGAGTATAC AGAGTTTGAC TCGAGTGTGA TGTATTCAAG ACTCCACTCC AGCCACTTTA	480
ACCGCAGTTG GGGTAGATAA AATGACTGGG TAGGGTCCTT CCCAGGATGT ATCTAAGGAT	540
GGGACTTAG AAGGAAGGGA CTTGACTAAT ACCATGTCAC CAGGGTGCAA TAATTACTTT	600

CCCTCTTCTC	GGGAACAGGT	TCCCTGTAAT	GTTTAAAGAA	CTTGTTGATA	TTTGGCCAAG	660
GAGGTGATGT	CTGCAACTAA	GCTGGCCATC	TCTCGGTCAA	GCACAAGGTC	CTTGGTTAGG	720
AAGGGCCATC	CATACAGCAT	TTTGTATGGG	CTAAGTCCTG	CTTTTTGGGG	AGAGTTTTGG	780
ATTCTTAGTA	AGGCTGTAGG	CAACAGAGCA	GGCCATGCAA	GGTGGGTTTC	TTGGGTTAGC	840
TTTTTTAAAT	GTCGTTTGAG	TGCTTCATTC	ATTTTCTTGA	CTTTTCCTGA	GGATTGTGGC	900
CTCCACGCGC	AGTGTAAGTG	ATATTGTATG	CCTAATGCCT	GGGATACTCC	CTGGGTTACT	960
GTAGCCTTGA	AAACGGGGCC	ATTGTCACTC	TGTAAGCCTC	GGGGAAGTCC	GAATCTGGGA	1020
ATTATTTTCAT	GAATTAGTGC	CTTTATTACA	TCTTGGTCCT	TTTCTGTCCT	ACAAAGGAAG	1080
GCCTCTGCCC	AACCAGTGAA	AATATCTACC	CAGACTAGTA	GATACTGAAA	TCCCTGAGAT	1140
TTGGGCATGT	GGGTAAAATC	TAGTTGCCAG	TCTTCTCCTG	AGTAATGGCC	TGTTCTTTGT	1200
TCTCCTGAAG	GAGCTT					1216

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 8: HE5

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
- (A) LONGUEUR: 976 paires de bases
 - (B) TYPE: nucléotide
 - (C) NOMBRE DE BRINS: simple
 - (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: ADN (génomique)

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 8:

AGTGATAATG	GAATACTTGA	AAGTAATCCC	CTCACTCCAG	GAAGTAGTGC	TGAGCTGGCC	60
AAACTAATAG	CCCTCACTCG	GGCACTAGAA	TTAGGAGAAG	AGAAAAGGGT	AAATATATAT	120
ACAGACTATA	AGTATGCTTA	CCTAGTCCTT	CATGCCCATG	CAGCAATATG	GAGAGAAAGG	180
GAATTCCTAA	CTTCCAAAGG	AACACCTATC	AAACATCAGG	AAGCCATTAG	GATATTATTA	240
TTGGTGGTAC	AGAAACCTAA	AGAGGTGGCA	GTCCTACACT	GCTGGGGTCA	TCAGAAAAAA	300
AAGGAAAGGG	AAATAGAAGG	GAAGTACCAA	GCAGATATTG	AAGCCAAAAG	AGCCGCAAGG	360
CAGGACCCCT	CATTAGAAAT	GCTTATAGAA	GGACCCCTAG	TGTGGGGTAA	CCCCCTCCAG	420
GAAAGCAATC	CCCAGTACTC	AGCAGGAGAA	ATAAATGGA	GAACCTCACG	AGGACATACT	480
TTCTCTCCCT	CAGGATGGCT	AGCCACCAAA	GAAGGAAAAA	TGCTTTTGCC	TGCAGCTAAC	540
CAATGGAAAT	TACTTAAAC	CCTTCACCAA	ACCTTTCCT	TAGGATTGAT	AGCACCCATC	600
AGATGGCCAA	ATTATTATTT	ACTGGATCAG	GCCTTTTCAA	AACTATCAAG	CAGGTAGTCA	660
GGGCTGTAA	AGTGTGCCAA	AGAAATAATC	TCCTGCACTG	CAAGCCATAC	ATTTCAATCC	720
CTGTATCTTT	AACCTCCTTG	TTAAGTTTGT	CTCTTCAGA	ATCAAAGCTG	TAAAACTACA	780
AATGGTTCTT	CAAATGGAGT	CTCAGATGCA	GTCCATGACT	AAGATATACC	GCAGCCCCCT	840
GGAGGGGGCC	TGCTAGCCCA	TGCTCCAATG	TTAATGACAT	CGAAGGCACC	CCTCCCGGGG	900
AAATCTCAAC	TGCACAACCC	CTACTATGTC	CCAATTCAGC	AGGAAGCAGT	TAAAGCGGTC	960
ATCGGCCAAC	CTCCCC					976

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 9: **HE6**

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
 (A) LONGUEUR: 942 paires de bases
 (B) TYPE: nucléotide
 (C) NOMBRE DE BRINS: simple
 (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: ADN (génomique)

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 9:

```

AGAGGAGAAC AGCAGCATAA GCGGCTGGCA GAGGTAGGGA AAGACCAGCA AGAAGAAAAG      60
AGAGAAAGAG AAAGAGAAAG TCAGAGAAAG AGACAGAGAG AGGAAGAGAC AAAGAGACAG      120
AAAGTCAAAG AGGTAGTAGT CAGAAACAGA GACAAAAAAA AGGAGTCAGA AAGAGGGACA      180
GACACAGAAA GTCAAAAAAA AAGTTAAGAA GAAAGGAAAA GACAAAGAAG AAGTCGAAGA      240
GGAGAAAGAG AGAGATAGAA GTAGTAAAGA AAAAAACAGC ATATCCCATT CCTTTAAAGC      300
CAGGGTAAAT TTCTATCTAC CCAGCCAAGG CATATTCTAC TTATGTGGAT CTTCAACCCA      360
TATCTGCCTC TCAGACAGTT TGCAAGAAAT AATGAAATCT ATCCTTACTT TACAATCCCA      420
AATAGACTCT TTGGCAGCAG TGAATCTCCA AACTGCAGA GGCCTAGACC TCCTCACTGC      480
TGAAAAAGGA GGACACTACA CCTTCTTAGG GGAAGAATGT TGTTTTTACA CTAACCAAGC      540
GGGGATAGTA TGAGATGCTG CCCGGAGTTT ACAGGAAAAG GCTTCTGAAA TCAGACAACG      600
CCTTTCAAAT TCTTATACCA ACTTCTGGAG TTAGGCAACA TGGCTTCTCC CCTTTCTAGG      660
TCCTGTGGCA GCCATCTTGC TGTTACTCGC CTTTGGGCCC TGTATTTTTA ACCTTCTTGT      720
CAAATTTGTT TCCTCTAGAA TCGAGGCCAT CAAGCTACAG ATGGTCTTAC AAATGGAACC      780
CCAAAAGAGT TCAACTAACA ACTTCTACCG AGGACCCCTG GATCAACCCA CTGGCACTTC      840
CCCTGGCCTA GAGAGTTCCC CTCTGAAGGA CACCGCAACT GCAGGGCCCT TCTTTGCCCC      900
ATCCAGCAGG AGTAGCTAGA GTGGTCATCG GCCAAATTGC CA                        942

```

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 10: **HG6**

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
 (A) LONGUEUR: 1375 paires de bases
 (B) TYPE: nucléotide
 (C) NOMBRE DE BRINS: simple
 (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: ADN (génomique)

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 10:

```

CCCCAATATT CTCTTTCTGA TGGGGAAAAA TGGCCACCTG AGGGAAGCAC AAATTACAAT      60
ACTATCCTGC AGCTTGATCT TTTCTGTAAG AGGGAAGGCA AATGGAGTGA AATACCTTAT      120
GTCCAAGCTT TCTTTTCATT GAGGGAGAAT ACACAACTAT GCAAAGCTTG CAATTTACAT      180
CCCACAGGAG GACCCCTCAG CTTACCCCA TATCCTAGCC TCCCTATAGC TTCCCTTCCT      240
ATTGATGATA CTCCTCCTCT AATCTCCCTT GCCCAGAAGG AAATAAGCAA AGAAATCTCC      300
AAAGGTCCAC AAAAACCCCC GGGCTATCGG TTATGTCCCC TTCAAGCTGT AGGGGGAGGG      360

```

GAATTTGGCC CAACCCGGGT GCATGTCCCC TTCTCCCTCT CTGATTTAAA GCAGATCAGG	420
CAGACCTGGG GAAGTTTTCA GATGATCCTG ATAGGTACAT AGATGTCCTA CAGGGTCTAG	480
GGCAAACCTT TGACCTCACT TGGAGAGACG TCATGCTACT GTTAGATCAA ACCCTGGCCT	540
TTAATGAAAA GAATGCGGCT TTAGCTGCAG CCTGAGAGTT TGGAGATACC TGGTATCCTA	600
GTCAAGTAAA TGAAAGAATG ACAGCCGAAG AAAGGGACAA CTTCCCTACT GGTCAGCAAG	660
CCATCCCCAG TATGGATCCC CACTGGGACT TTGACTCAGA TCATGGGGAC TGGAGTCGTA	720
AACATCTGTT GATCTGTGTT CTGGAAGGAC TAAGGAGAA TGGGAAAAAG CCCATGAATT	780
ATTCAATGAT ATCCACCATA ACCCAGGGAA AGGAAGAAAA TCCTTCTGCC TTCCTCGAGC	840
GGCTACAAGA GGCCTTAAGA AAATATACTC CCCTGTCAAC CGAATCACTC GAGGGTCAAT	900
TGATTCTAAA AGATAAGTTT ATTACCCAAT CAGCCACAGA TATCAGGAGA AAGCTCCAAA	960
AGCAAGCCCT GAGCCCTGAA CAAAATCTAG AGACATTATT AAACCTGGCA ACCTTGGTGT	1020
TCTATAATAG GGACCAAGAG GAACAGGCCC AAAAGGAAAA GCGAGATCAG AGAAAGGCCG	1080
CAGCCTTAGT CATGGCCCTC AGACAAACAA ACCTTGGTGG TTCAGAGAGG TCAGAAAATG	1140
GAGCAGGCCA ATCACCTGGT ACGGCTTGTT ATCAGTGCGG TTTACTAGGA CACTTTAAAA	1200
AAGATTGTCC AATAAGAAAC AAGCTGCCCC CTCATCCGTG TCCACTATGC CGAGGCAATC	1260
ACTGGAAGGT GCACTGCCCC AGAGGATGAA GGTTCCTGG GTTAGAAGCC CCCAACCAGA	1320
TGATCCAACA ACAGGACTGA GGGTGCCCGG GGCAAGCACC AGCTCATGTC ATCAC	1375

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 11: HE7

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
- (A) LONGUEUR: 944 paires de bases
 - (B) TYPE: nucléotide
 - (C) NOMBRE DE BRINS: simple
 - (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: ADN (génomique)

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 11:

ACCTAGGAGG AACTGTCTTC AGGACAGGAC TATAGATGCT TCCTCCCAGG CGATTAAGGG	60
AAAAAGACAC AATGGGTATT CAGTAAGTGA TAAGGAACT CTTGTAGAAG CAGAGTTAGG	120
AAAATGCGCT AATAATTGGT CTGCTCAAAT GTGCGAGCTG TTTGCACTCA GCCAACCTT	180
AAAAGTATTA CAGAATCAGG AAGAAGCCAT CTATACCAAT TCTAAGTTAA TATGGACTGA	240
ACGAGAACTT ATTAATAGCA AAGAATAATT GAAATCCCAA ACTTACAAGG TTTTCAACAA	300
AAGCACAGTT TGCTAAAAGT TAACTGTGTA ACATGTATTA TCCTACTACC ACAAACCTC	360
AAATGATTTT TCAGACAGTT TGCAAGAAAC AATGAAACCT ATCCTTACTC TACAATCCCA	420
AATAGACTCT TTGGCAGCAG TGAATCTCCA AAACCACCAA GGCCTAGACC TCCTACTG	480
TGAGAAAGGA GGAATCTGCA CCTTCTTAGG GGAAGATTGT TGTTTTTACA CTAACCACTC	540
AGGGATAGTG TGAGATGCCA CCCAGCGTTT ACAGGAAAAG GCTTCTGAAA TCAGACACAA	600
TGCTTTTCAA ACCTTATAGC AACCTCTGGA GTTCGGCGAC TGGCTTTTCC CCTTTCTAGG	660

TCCTGTGACA GCCATCTTGC TATTACTCGC CTTGCGGGCCC TGTATTTTTA ACCTCCTCGT	720
CAAATTTGTT TCCTCTAGGA TCGAGGCCAT CAAGCTACAG ATGGTCTTAC AAATGGAACC	780
CCAAATGAGC TCGACTAACA ACTTCTACTG AGGACCCCTG GACCGACCCA CTGGCCCTTT	840
AACTGGCTTA AAGAGTTTCC CTCTGGAGGA CACTACAAC TGCAGGGCCCC TTCTTTGCCC	900
CATCCACAGG AAGTTAGCTA GAGCAGTCAT CACCCAATTC CCAA	944

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 12: **HE8**

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
- (A) LONGUEUR: 963 paires de bases
 - (B) TYPE: nucléotide
 - (C) NOMBRE DE BRINS: simple
 - (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: ADN (génomique)

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 12:

TACAGGAACC CCATAATACG TCCTTGCAA ATTCTATTCA GCTCCAACTG CTAGGAGTGG	60
CCCATTGTGC CTGAACCCTC AAATCATGGG AATGAGAAAT GAATTTAGAC TGACCACAGC	120
CCTTATGAGT TTTCAGCTAC AGGGGTGTAT AGAACCTGA TAAGGAGTTT TCTTTGTGTG	180
TGGAAGATCC TTCTATATTT GCCTCCCCAC CAACTGGACA GGAAGTTGTA CTTTAGCCTA	240
CATAGTACCT CCTGTGACTT ATCCTTTTCA GAAGAGGAG TAGCTGTGCC CATTATGCT	300
AAGCTTCAGC CGAGAGCAAT CTCACTACTT CCTCTATTGG CTGGTTTAGG ATTTACTACC	360
ACCTAGGAAG TGGACTCACA GCCTAGATGA AATCTCTCTC CAACTTACTC AAATCCAGGA	420
CCAAATAGAC TCATTAGCAG CTGTGGTTCT CCGAACCACT GAGCACTAGA TCTCCAATCT	480
CCTCACTGCC GAAAGGGGAG GAACATGCCT TTTTCTGAAC AAGGAATGTT GTTTTATGT	540
CAATAAATCA GGCATAGTGA GAGATGGAAT TAAATGACTT CAGGATAGAG CTAGCAGACT	600
ACATGGTGGG ACAACCGAAA CTACCTCAGG GTTCTCACAG CCTGTTCTCC ACTGGCTTCT	660
TCCATTTTTTA GGTCCCTTCC TTATGATTAT TCTAGGAGTA ACCTTTGGCC CATGTCTTTT	720
CAGTTCCTTC ATCCTTTCGT TTCTTCCTGA ATAGAATCAA TGAACTAGA AATGTTACTG	780
CAGATGGAAC CTCAGATGAC TTCAACCAGC ACCTATTATC AAGGACCCCT AAACCAGCCT	840
GCCGGCCCAT ACCCGGACGT TGACACCCAA ACCACCTCTC ACGAGGAAAC CTCAGCTACA	900
GAACCCCTTC TATGCCCTTA TTCAGCAGGA AGCAATTAGA GTGGTCATCC TCCCACACCC	960
CAA	963

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 13: **HG8**

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
- (A) LONGUEUR: 1362 paires de bases
 - (B) TYPE: nucléotide
 - (C) NOMBRE DE BRINS: simple
 - (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: ADN (génomique)

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 13:

CCACAATATC CTCTTCCAGG AGGAGAACGA TGGCCACCTG AGGGAAGTAT AACTATAAT	60
ACCATCCTGC AACTAGATCT GTTTGTAAA CAAGAAGGCA AGTGGATTTA GGTACCATAT	120
G TTCAGACCT TTTTCTCATT AAGGGATGAT AACCACGAT TGTGTAAGAC ATGTAACCTG	180
CACCCACAG GGAGTCCTCA AATTCTACCC CCATACCCAG TCCTCCCCAC GGCTCCTCCT	240
ACTAATGCCA AACCTCTCTT GGCTTCTACA GCCCAAAGG GAACAAATAA AAGAGCCTTC	300
AGAGAGCCAA GAGACCCAC TGGCCCTGG CTATGTCTC TTCAGGCTGT AGGAGGGGAA	360
TTTGGCCCAA CCCGAGTACA TGTTCCCTTT TCTCTCTCTG ATCTAAAGCA AATTAAGGCA	420
GACTTGGATG AAAGTTCTCA GATGACCCCA ATAGATACGT AGATGGCCTG CTGGGTCTGG	480
GACAATCTTT TGACCTTTCC TGGAGAGAGA TCATGTTATT GCTTGATCAG ACCTAACCTC	540
TAATGAGAAG AATGCTGCTT TAACAGGAGC CCGAGAGTTT GGGGATACCT GGTACCTCAG	600
TTAAGTAAGT GATAGAATGA CATCAGAAGA GAGCAGTTTC CTAAGGCCA GCAAGCAGTC	660
CCCAGTATGG ATCCCCACTG GGACCCTGAC TCGGATCATG GGGACTGGAG TCACAAACAT	720
TTACTGACCT GTATCTAGA AGGGTTAAGG AGAACTAGGA AAAAGCCCAT GAACTATTCA	780
ATGATGTCTA CTATAACCCA AGGGAAGGAA GAAAACCCTA TTGCCTTCCT CAAAAGGCTG	840
AGGGAGGCTT TGAGAAAATA TACTCCCCTG TCACCAGATT CCCTCGAAGG CCAGTTAATT	900
TTAAAGGACA AATTTATTAC TCAGTCAGCT GCAGACATTA GGAAAAGCT CCAAAGTTA	960
GCCTTGGGCC GAGCAAAATT TGGAGGCATC ATTAAACCTG GCAACCTCAG TGTTCTATCA	1020
TAGGGACCAA GAGGAACAGG CCGAAAAGGA AAAGCAGGAT AAGAGAAAGG CTGCAGATTT	1080
AGTCATGCCC TCAGACAAAC CTTGGCGGTT CAAAGAGGAG AAAAAATGGA GCAGGCCAAT	1140
CACCCAGCAG GGCTTATTAT CAGTGCAGTT TACAAGGACA CTTTAAACAA GATTGTCCAA	1200
AGAGAAATAA GCCGCCCTCT CACCCATGTC CACTATGCCA AGGTGATCAC TGGAAGGCAC	1260
ACTGTCCCAG AGGACAAAGG TTCTCTGGGC CAGAAGTCCC CAACCAGATG ATCCAGCAAC	1320
AGGATGGAGG GTGCCCGGG CAAGCACCAG CTCGTGTTGT CA	1362

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 14: HE9

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
- (A) LONGUEUR: 945 paires de bases
 - (B) TYPE: nucléotide
 - (C) NOMBRE DE BRINS: simple
 - (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: ADN (génomique)

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 14:

TTGCAGATCA ATCTCAGACT GCTGTGCTAG CAATGAGTGA GGCTTCGTGG GCATGGGACC	60
CTCTGAGCCA GGCATGGGAT ATAATGTCTT TGTGTGCCAT TTGCTAAGAC TGTTGGAATA	120
GCACAGTATT AGGGTGGGAG TGGCCCGATT TTCCAGGTGC TGTCTGTCAC CGCTTCCTT	180
GGCTAGGAAA GAGAATTCCC TGACCCCTTG TTCTTCCCAG GTAAGGCAGT GCCTCACCTT	240

GCTTCAGCTC ACACTCAGGT GACTGCACCC ACTGTCCTGC CCCCCTGTC GGACAAGCCC	300
CAGTGAGATG AACCTGGTAC CTCAGTTGGA AATGCAGAAA TCACCTGTCT TCTGCGTCAC	360
TCACACTGGG AGCTGTAGAC TGGAGCTGTT CCTATTTGGC CATCTTGGAA CCATCTCCCA	420
AATAGACTCT TTGGCAGCAG TGACTCTCCA AAACCACCAA GGCCTAGACC TCCTCATTCG	480
TGAGAAAGGA GGACTCTGCA CCTTCTTAGG GGAGGAGTGT TGTTTTTATA CTGACCAGTC	540
AGGGATGGTA CGAGATGCCA CCCGATGTTT ACAGGAAAAG GCTTCTGAAA TCACACAACA	600
CCTTTCAAAC TCTTATACCA ACCTCTGGAG TTGGGCAACA TGGCTTCTCC CCTTTCTCGG	660
TCCCATTGCA GCCATCTTGC TATTACTCGC CTTCAGGCTG TGTATTTTATA ACCTCCTTGT	720
CAAATTTGTT TCCTCTAGAA TTGAGGCCGT CAAGCTACAG ATGGTCTTAC AAATGGGACC	780
CCAAATGAGC TCAACTAACA ACTTCTGCCA AGGACCCCTG GACCAACCTG CTGGCCCTTT	840
CACTGGCCTT AAGAGTTCCC CTCTGGAGGG CACTACAACCT GCAGGGCCCC TTCTTTGCCC	900
CTATCCAGCA GGAAGTAGCT AGAGCAGTCA TCACCCAATT CCCAA	945

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 15: **HE10**

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
- (A) LONGUEUR: 939 paires de bases
 - (B) TYPE: nucléotide
 - (C) NOMBRE DE BRINS: simple
 - (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: ADN (génomique)

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 15:

AGAGCTACCT TGGCAAGTAC TCTAGGAGTA TGGGAAAATG AAAACAACAA ACTCACACAC	60
CATTTTAAACA TACACAATCA GGTCTGCCCA CCCAGCAAGG TATATCTTTT GTATGTGGAA	120
CATCGACCTA TATCTGCCTC CCCACTAACT AGACAGCCAC CTGAATCTTA GTCTTTCTAA	180
GTCCCAACAG TAACATTGCC CCAGGAAATC AGACCATATC AGTATCCCTC AAAGCTCAAG	240
TCTGTCAGTG CAGAGCCATA CAACTAATAC CCCTACTTAT AGGGTAAGGA ATGGCTACTG	300
CTACAGGAAC CAGAATAGCT AGTTTGTTTA CTTCAATTAT CTACTIONAC AACTCTCAA	360
ATGATTTCTC AGACAGTTTG CAAGAAATAA CGAAATCTAT CCTACTCTA CAATCCCAA	420
TAGACTCCTT GGCAGCAGTG ACCCTCCAAA ACGGCTGAGG CCTAGACCTC CTCACTGCCA	480
AGAAAGGAGG ACTCTGCATT TTCTTAGGGG AAGAGTGTTT TTACACTAAC CAGTCAGGGA	540
CAGTATGAGA TGCCACTCGG AGTTTACAGG AAAAGGCTTC TGAAGTCAGA CAATGCCTTT	600
CAAACTCTAT ACCAACTCT GGAGTTGGGC AACATGGCTT CTCCCCTTTC TAGGTCCCCT	660
GACAGCCATC TTGCTATTAT TTGCCTTTGA GCCCTGTATT TTTAATCTCC TTTTCAAATT	720
TGTTTCCTCT GGATCGAGGC CATCGAGCTA CAGATGGTCT TCACAAATGG AACCCCAAAT	780
GAGCTCAACT AACAATTCT ACTGAGGACC CCTGGACTAA CCTGCTGACC CTTTCACTGG	840
CCTGAAGAAT TCCCCTCTGG AGGACACTAC AACTGCAGGG CTCCTTCTTT GCCCCTATCC	900
AGCAGGAAGT AGCTAGAGCT GTCATTGCCT AATTCCTAA	939

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 16: HE11

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
- (A) LONGUEUR: 979 paires de bases
 - (B) TYPE: nucléotide
 - (C) NOMBRE DE BRINS: simple
 - (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: ADN (génomique)

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 16:

```

AGTGATAATG GAATACTTGA AAGTAATCCC CTCACTCCCC AGGAACTAGT GCTCAGCTGG      60
CAGAACTAAT AGCCCTCACT CGGGTACTAG AATCAGGAGA AGGAAAAAGG GTAAATATAT      120
ATACAGACTC TAAGTGTGCT TACCTAGTCC TCCATGCCCA TGCAGCAATA TGGAGAGAAA      180
GGGAATTCTT AACTTCCGAG GGAACACCTA TCAAACATCA GGAAGCCATT AGGAAATTAT      240
TATTGGCTGT ACAGAAACCT AAAGAGGTGG CAGTTTTACA CTGCCGGGGT CATCAGAAAG      300
GAAAGGAAAG GGAAATACAA GGGAGCCACC AAGTTGATAT TGAAGTCAA AGAGCCACAA      360
GGCTGGACCC TCCATTAGAA ATGCTTATAG GAGGACCCCT AGTATGGGGT AATCCCCTCC      420
GGGAAGCCAA GCCCAGTAC TCAGCAGGAG AAATAGAATA GGAAGCTTCA TGAGGACATA      480
CTTCCCTCCC CTCCAGATGG CTAGCCACCA ATAAAGGAAA AATACTTTTG CCTGCAGCTA      540
ACCAATAGAA ATTACTTAAA ACCCTTCATC AAACCTTCCA CTTAGGCATT GATAGCACCC      600
ATGAGATGGC CAAATTATTA TTTACTGGAC CAGGCCTTTT CAAACTATC AAGCAGATAG      660
TCAGGGCCTG TAAAGTCTGC CAAAGAAATA ATCCCCTGCA CTGCAGGCCA TACATTTCAA      720
TCCCTGTATC TTAAACCTCC TTCTTAAATT TGTCTCTTCC AGAATCAAAG CTGTAAAT      780
ACAAATAGTT CTTCAAATGG AGCCACAGAT GCAGTCCATG ACTAAGATCC ACCACAGACC      840
CCTGGACCAG CCTGCTAGCC CATGCTCCAA TGTTAATGAC ATCGAAGGCA CCCCCTCCTG      900
AGGAAATCTC AACTGCACAA CCCCTACTAC GCCCAATTC AGCAGAAAGC AGTTAGAGTG      960
GTCATCAGCC AACCTCCCC                                     979

```

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 17: HG11

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
- (A) LONGUEUR: 1774 paires de bases
 - (B) TYPE: nucléotide
 - (C) NOMBRE DE BRINS: simple
 - (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: ADN (génomique)

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 17:

```

CATGCTGGTAAAGGACCGCTAGAATCCAGCAGCCAGGACCACTTTCTTTGTGGTCAAGAAAGGTGGGAAAACA
G
GTGCAGGACTGCTACACTGGTAAGCATAACTAATCCGATAAGCAGAGGTCCATGGGTGGTTACGCACCCTGGA
AAGGAATAAGCATTAGGACTATAGAGGACACTCTAGGACTAATGCTCATCGGAAAAATGACTAGGGGTACTGGC
ATCCCTATGTTCTTTTTCAGATGGGAAATGTTCCCCCAAGGCAGAAATGCCCTAAGATGTATTCTGGAGA
AATGGGACCAATCTGACCATCAGACACTAAGAAAGAAATGACTTATATTCTTCTGCAGTACCACCTGGCCACA
ATATCTTCTTCAAGGGGCAGAAACCTGGCCTCCTGAGGGAAGTATAAATTATAACACCATCTTACAGCTAGAC

```

CTCTTTTGTAGAAAAAGAAGGCAAATGGAGTGAAGTGCCATATGTACAAACTTTCTTTTCATTAAGAGATAACT
 CCCAATTATGTAAAAAGTGTGATTTATGCCCTACAGGAAGCCCTCAGAGTCTACCTCCCCGACCCCAGCAAGAC
 CCCAACTCCTTCTCCAACTAATAAGGACCCCCCTTCAACCCAAATGGTCCAAAAGGAGATAGACAAAGGGGTA
 AACAATGAACCAAAGAGTGCCAATATTACACGATTATACTCGCTCCAAGCAGTGGGAGGAGAATTTGGCCCG
 CCAGCGTGCATGTACCTTTTCTCTCTCAGATTTAAAGCAAATTTAAATAGACCTAGGTAAATTCTCAGATAA
 CCCTGATGGCTATATTGATGTTTTACAAGGGTTAGGACAATCCTTTGATCTGACATGGAGAGATATAATGTTA
 CTGCTAAATCAGACACTAACCCCAAATGAAAAAGTGCTGCCATAACAGCAGCCTGAGAGTTTGGCGAACTCT
 GGTATCTCAGTCAGGTCAATGATAGGATGACAACAGATGAAAGAGAATGATTCCCCACAGGCCAGCAGGCAGT
 TCCAGTGTAGACCTCATTAGGACACAGAATCAGAACTTGGAGATTGGTGCCACAGACATTTGCTAACTTGC
 GTGCTAGAAGGACTAAGGAAAACTAGGAAGAAGCCCATGAATTATTCAATGATGTCCCTTATAACACAGGGAA
 AGGAAGAAAATCCTACTGCCTTTCTGGAGAGACTAAGGGAAGGATTGAGGAAGCATACCTCCCTGTCACCTGA
 CTCTATTAAAGGCCAACTAATCTTAAAGGATAAGTTTATCACTCAGTCAGCTGCAGAGATTAAGAAAAAACTT
 CAAAAGTATGCCTTAGGCCAGAGCAAACTTAGAAACCTACTGAACTTGGCAACCTCAGTTTTTTATAATA
 GAGATCAGGAAGAGCAGGGGAATGGGACAAATGGGATAAAAAAAAAAAAAAAAAAGGTGACTGCTTTAGTCGTGG
 CCCTCAGGCAAATGGACTTTGGAGGCTCCAGAAAAGGGAAAAGCTGAGCAAATTGAATGCCCTAACAGGGCTTG
 CTTCTAGTGTGGTCTACAAGGACACTTTAAAAAAGATTGTCCAAGTAGAAACAAGCTGCCCTTGTCCATGC
 CCCTTATGTCAAGGGAATCACTGGAAGGCCCACTGCCAGGAGATGAAGGTCTCTGAGTCAGAAGCCACTA
 ACCAGATAATCCAGCAGCAGGACTGAGGATGCCAGGGCAAGCGCCAGCCCATGCCATCACCTCACAGAGCC
 TTGGGTATGCTTGACCATTGA

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 18: HE12

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
 - (A) LONGUEUR: 938 paires de bases
 - (B) TYPE: nucléotide
 - (C) NOMBRE DE BRINS: simple
 - (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: ADN (génomique)

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 18:

TGTAGGAAGA ACTCCCTTCA GGACAGGACA ATAGATGGTT CCTCCCAGGT GATTAAGGAA	60
AAAAGACACA GTATTCAGTA AGTGATAAGG AACTCTTGT AGAAGCAGAG TTAGAAAAAT	120
TGCCTAATAA TTGGTCTGCT CAAATGTGTG AGTTGTTTGC ACTCAGCCAA ATCTTAAAGT	180
ACTTACAGAA TCAGGAAGCA GCCATCTATA CCAATTCTAA GTTAATATGG ACTAAACGAG	240
GTTTTATTAG TAGCAAAGAA AAATTAAAAT CCCAACTTA CAAGGTTTTT CAACTAAAGTT	300
TGCCAAAAGT TAACAGTGTA ACATGTATTA TCCTACTATC ACACACTCTC AAAGGATTTT	360
TCAGACAGTT TGCAAGAAAT AACGTAATCT ATCCTTACTC TACAGTCCCA AATAGACTCT	420
TTGGTAGCAG TGACTCTCCA AACTGCCGA GGTCTAGACC TCCTCAATGC TGAGAAAGGA	480
GAACTCTGCA CCTTCTTAGG GGAAGAGTGC TGTTTTTACA CTAACCAGTC AGGGATAGTA	540
TGAGATACTG CCTGACGTTT ACAGGAAAAG GCTTCTGAAA TCAGACAACG CCTTTCAAGC	600
TCTTATACCA ACCTCTGGAG TTGGGCAACA TGGCTTCTCC CCTTGCTAGG TCCTGTGGCA	660
GCCATCTTGC TATTACTTGC CTTGCGGCC TGTATTTTAA ACCTCCTTGT CAAATTTGTT	720
TCCTCTAGGA TCAAGGCCAT CAAGCTACAG ATGGTCTTAC AAATGGAACC CCAAATGAGC	780
TCAACTAACA ACTTCTACTG AGGACACCTG GACTGACCCA CTGGCCCTTT CACTGGCCTA	840
AAGAGTTCCC TTCTGGAGGA CACTACAACG GCAGGGCCCC GTCTTCACCC CTATCCAGCA	900
GGAAGTAGCT AGATCAGTCA TTGCCCAATT CCCAACAG	938

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 19: HG12

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

- (A) LONGUEUR: 1308 paires de bases
- (B) TYPE: nucléotide
- (C) NOMBRE DE BRINS: simple
- (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: ADN (génomique)

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 19:

```

GATGCTTGCC CCAGGCACCC TCAGTCCTGT TGTGGATCA TCTGGTCGGG GGCTTCTGGC 60
CCAAAGAACC TTTGTCTCTT GAGGCAGTGC ACCTTCCAGT GATTGCCTCA GCATTGTGGA 120
CATGGGCAAG GGGGCAGCTT GTTCTCACT GGACAATCTT TTTTAAGGTG TCCTTCCAAA 180
CCACACTGGT AACAGCCCTT ACCAGGTGAT TGGCTGCTC TATTTTCTGT CCTCTCTGAA 240
CCACCAAGGT TTGTCTGTCT GAGGGTCATG ACTAAGGCTG TGGCCTTTCT CTGATCTTGC 300
TTTTCTTTT TGGCCTGTTC CTCTTGGTAC CTATTATAGA ACACTGAGGT TGCCAGGTTT 360
AACAAATGGCT CCAGATTTTG TTCAGGGCAC AGGGCTCATT TTGGAGCTTT CTCCTGATAT 420
CTGCAGCTGA TTGGGTAATA AACTTATCTT TTAGGATCAA TTGACTCTCA AGAGAGTTGG 480
GTGACAGGGG AGTATATTTT CTGAGGCCT CCCATAGCCG CTCTAGGAAG GCAGAAGGAT 540
TTTCTTCCTT TCCCTGAGTT ATAAAAGACA TCATTGAACA ACTCATGGAC TTTTCCCAA 600
TTCTCCGTAG TCCTTCTAGA ACACAGGTCA GCAGATGTTT ACGACTCCAG TCCCCATGAT 660
CTGAGTCTAG ACACAGTGG GGATCCATAC TGGGGATGGC CTGCTGACTG GTAGGGAATT 720
TGTCCTTTC TTTGGCTGTC ATTCTATCAT TTA CTGACT AAGATACCAA GATCTCCAA 780
ATTCTCAGGC TGCAGCTAAA GCTGCATTCT TTTCAATAA GGCCAGGGTT TGATCTAATA 840
GCATGACATC TCTCCAAGTG AGGTCAAAGG TTTGCCCTAG ATCCATAGGA CATCAGAGAA 900
GGAGAAGGGG ACATACACCT GAGTTAGCCA AATCCCCTC CCTCTACAGC TTGAAGGGGA 960
CATAAGCAAT AGCCTGGGGA TTTTGTGGT CCTTTGGAGA TTTCTTGCT TGTTCCTTC 1020
TGGGTGGGGG AGATTAGAGG AGGCTTATCA GTAATAGGAA GGGGAGCTAT AGGGAGGCTA 1080
GGATATGGGG GTAAGCTGAG AGGTCATCTT GTGGGATGTA AATTGCAAGC TTTGCATAGT 1140
TGTGGATTTT CCTTACAATG AAAATAAAGC TTGGACATAA GGTATTTTAC TCCATTGCC 1200
TTCCCTCTTA CAGAAAAGGT CAAGCTGCAG GATAGTACTG TAATTTATAC TTCCTTCAGG 1260
TGGCCATTTT TTCCCATCAG AGAGAGAATA CTGGGGCTGG GCCATAGT 1308

```

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 20: R1

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

- (A) LONGUEUR: 711 paires de bases
- (B) TYPE: nucléotide
- (C) NOMBRE DE BRINS: simple
- (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: ADN (génomique)

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 20:

ACTGAGAGAC AGGACTAGCT GGATTTCCTA GGCCGACTAA GAATCCCTAA GCCTAGCTGG	60
GAAGGTGACC ACGTCCACCT TTAAACACGG GGCTTGCAAC TTAGCTCACA CCTGACCAAT	120
CAGAGAGCTC ACTAAAATGC TAATTAGGCA AAGACAGGAG GTAAAGAAAT AGCCAATCAT	180
CTATTGCCTG AGAGCACAGC AGGAGGGACA ACAATCGGGA TATAAACCCA GGCATTCGAG	240
CTGGCAACAG CAGCCCCCTT TTGGGTCCCT TCCCTTTGTA TGGGAGCTGT TTTCATGCTA	300
TTTCACTCTA TTAAATCTTG CAACTGCACT CTTCTGGTCC ATGTTTCTTA CGGCTCGAGC	360
TGAGCTTTTG CTCACCGTCC ACCACTGCTG TTTGCCACCA CCGCAGACCT GCCGCTGACT	420
CCCATCCCTC TGGATCCTGC AGGGTGTCCG CTGTGCTCCT GATCCAGCGA GCGGCCATT	480
GCCGCTCCCA ATTGGGCTAA AGGCTTGCCA TTGTTCTGC ACGGCTAAGT GCCTGGGTTT	540
GTTCTAATTG AGCTGAACAC TAGTCACTGG GTTCCATGGT TCTCTCTGT GACCCACGGC	600
TTCTAATAGA ACTATAACAC TTACCACATG GCCAAGATT CCATTCCTTG GAATCCGTGA	660
GGCCAAGAAC TCCAGGTCAG AGAATACGAG GCTTGCCACC ATCTTGAAG C	711

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 21: R1F

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
- (A) LONGUEUR: 711 paires de bases
 - (B) TYPE: nucléotide
 - (C) NOMBRE DE BRINS: simple
 - (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: ADN (génomique)

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 21:

ACTGAGAGAC AGGACTAGCT GGATTTCCTA GGCTGACTAA GAATCCCTAA GCCTAGCTGG	60
GAAGGTGACC ACATCCACCT TTAAACACGG GGCTTGCAAC TTAGCTCACA CCTGACCAAT	120
CAGAGAGCTC ACTAAAATGC TAATTAGGCA AAGACAGGAG GTAAAGAAAT AGCCAATCAT	180
CTATTGCCTG AGAGCACAGC AGGAGGGACA ATGATCGGGA TATAAACCCA AGTCTTCGAG	240
CCGGCAACGG CAACCCCTT TGGGTCCCT CCCTTTGTAT GGGAGCTCTG TTTTCATGCT	300
ATTTCACTCT ATTAAATCTT GCAACTGCAC TCTTCTGGTC CATGTTTCTT ACGGCTTGAG	360
CTGAGCTTTC GCTCGCATC CACCACTGCT GTTTGCCGCC ACCGAGACC CGCCGCTGAC	420
TCCCATCCCT CTGGATCATG CAGGGTGTCC GCTGTGCTCC TGATCCAGCG AGGCACCCAT	480
TGCCGCTCCC AATCGGGCTA AAGGCTTGCC ATTGTTCTG CATGGCTAAG TGCCTGGGTT	540
CATCCTAATT GAGCTGAACA CTAGTCACTG GGTTCATGG TTCTCTTCTG TGACCCACAG	600
CTTCTAATAG AGCTATAACA CTCACCGCAT GGCCCAAGGT TCCATTCCTT GAATCCATAA	660
GGCCAAGAAC CCCAGGTCAG AGAACACGAG GCTTGCCACC ATCTGGGAG C	711

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 22: HERV-7q (partie codante env avec trois cadres de lecture)

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
- (B) TYPE: nucléotide
 - (C) NOMBRE DE BRINS: simple

(D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: ADN (génomique)

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 22:

AAGCTCCTTCAGGAGAACAAAGAACAGGCCATTACCCTGGAGAAGACTGGCAACTGATTTTACCCACAAGCCCAA
 LysLeuLeuGlnGluAsnLysGluGlnAlaIleThrLeuGluLysThrGlyAsn...PheTyrProGlnAlaGln
 SerSerPheArgArgThrLysAsnArgProLeuProTrpArgArgLeuAlaThrAspPheThrHisLysProLys
 AlaProSerGlyGluGlnArgThrGlyHisTyrProGlyGluAspTrpGlnLeuIleLeuProThrSerProAsn

ACCTCAGGGATTTTCAGTATCTACTAGTCTGGGTAGATACTTTCACGGGTTGGGCAGAGGCCTTCCCCTGTAGGAC
 ThrSerGlyIleSerValSerThrSerLeuGlyArgTyrPheHisGlyLeuGlyArgGlyLeuProLeu...Asp
 ProGlnGlyPheGlnTyrLeuLeuValTrpValAspThrPheThrGlyTrpAlaGluAlaPheProCysArgThr
 LeuArgAspPheSerIleTyr...SerGly...IleLeuSerArgValGlyGlnArgProSerProValGlyGln

AGAAAAGGCCCAAGAGGTAATAAAGGCACTAGTTCATGAAATAATTCCCAGATTCCGACTTCCCCGAGGCTTACA
 ArgLysGlyProArgGlyAsnLysGlyThrSerSer...AsnAsnSerGlnIleArgThrSerProArgLeuThr
 GluLysAlaGlnGluValIleLysAlaLeuValHisGluIleIleProArgPheGlyLeuProArgGlyLeuGln
 LysArgProLysArg.....ArgHis...PheMETLys...PheProAspSerAspPheProGluAlaTyrArg

GAGTGACAATAGCCCTGCTTTCCAGGCCACAGTAACCCAGGGAGTATCCCAGGCGTTAGGTATACGATATCACTT
 Glu...Gln...ProCysPheProGlyHisSerAsnProGlySerIleProGlyValArgTyrThrIleSerLeu
 SerAspAsnSerProAlaPheGlnAlaThrValThrGlnGlyValSerGlnAlaLeuGlyIleArgTyrHisLeu
 ValThrIleAlaLeuLeuSerArgProGln...ProArgGluTyrProArgArg...ValTyrAspIleThrTyr

ACACTGCGCCTGAAGGCCACAGTCCTCAGGGAAGGTCGAGAAAATGAATGAAACACTCAAAGGACATCTAAAAAA
 ThrLeuArgLeuLysAlaThrValLeuArgGluGlyArgGluAsnGlu...AsnThrGlnArgThrSerLysLys
 HisCysAla...ArgProGlnSerSerGlyLysValGluLysMETAsnGluThrLeuLysGlyHisLeuLysLys
 ThrAlaProGluGlyHisSerProGlnGlyArgSerArgLys...METLysHisSerLysAspIle...LysSer

GCAAACCCAGGAAACCCACCTCACATGGCCTGCTCTGTTGCCTATAGCCTTAAAAAGAATCTGCAACTTTCCCCA
 385 395 405 415 425 435 445
 AlaAsnProGlyAsnProProHisMETAlaCysSerValAlaTyrSerLeuLysLysAsnLeuGlnLeuSerPro
 GlnThrGlnGluThrHisLeuThrTrpProAlaLeuLeuProIleAlaLeuLysArgIleCysAsnPheProGln
 LysProArgLysProThrSerHisGlyLeuLeuCysCysLeu...Pro...LysGluSerAlaThrPheProLys

AAAAGCAGGACTTAGCCCATACGAAATGCTGTATGGAAGGCCCTTCATAACCAATGACCTTGTGCTTGACCCAAG
 LysSerArgThr...ProIleArgAsnAlaValTrpLysAlaLeuHisAsnGln...ProCysAla...ProLys
 LysAlaGlyLeuSerProTyrGluMETLeuTyrGlyArgProPheIleThrAsnAspLeuValLeuAspProArg
 LysGlnAspLeuAlaHisThrLysCysCysMETGluGlyProSer...ProMETThrLeuCysLeuThrGlnAsp

ACAGCCAACTTAGTTGCAGACATCACCTCCTTAGCCAAATATCAACAAGTTCTTAAAACATTACAAGGAACCTAT
 ThrAlaAsnLeuValAlaAspIleThrSerLeuAlaLysTyrGlnGlnValLeuLysThrLeuGlnGlyThrTyr
 GlnProThr...LeuGlnThrSerProPro...ProAsnIleAsnLysPheLeuLysHisTyrLysGluProIle
 SerGlnLeuSerCysArgHisHisLeuLeuSerGlnIleSerThrSerSer...AsnIleThrArgAsnLeuSer

CCCTGAGAAGAGGGAAAAGAACTATTCCACCCTTGTGACATGGTATTAGTCAAGTCCCTTCCCTCTAATTCCCCA
 Pro...GluGluGlyLysGluLeuPheHisProCysAspMETValLeuValLysSerLeuProSerAsnSerPro
 ProGluLysArgGluLysAsnTyrSerThrLeuValThrTrpTyr...SerSerProPheProLeuIleProHis
 LeuArgArgGlyLysArgThrIleProProLeu...HisGlyIleSerGlnValProSerLeu...PheProIle

TCCCTAGATACATCCTGGGAAGGACCCTACCCAGTCATTTTATCTACCCCAACTGCGGTTAAAGTGGCTGGAGTG
 SerLeuAspThrSerTrpGluGlyProTyrProValIleLeuSerThrProThrAlaValLysValAlaGlyVal
 Pro...IleHisProGlyLysAspProThrGlnSerPheTyrLeuProGlnLeuArgLeuLysTrpLeuGluTrp
 ProArgTyrIleLeuGlyArgThrLeuProSerHisPheIleTyrProAsnCysGly...SerGlyTrpSerGly

GAGTCTTGGATACATCACACTTGAGTCAAATCCTGGATACTGCCAAAGGAACCTGAAAATCCAGGAGACAACGCT
 GluSerTrpIleHisHisThr...ValLysSerTrpIleLeuProLysGluProGluAsnProGlyAspAsnAla
 SerLeuGlyTyrIleThrLeuGluSerAsnProGlyTyrCysGlnArgAsnLeuLysIleGlnGluThrThrLeu
 ValLeuAspThrSerHisLeuSerGlnIleLeuAspThrAlaLysGlyThr...LysSerArgArgGlnArg...

AGCTATTCTGTGAACCTCTAGAGGATTTGCGCTGCTCTTCAAACAACAACCAGGAGGAAAGTAACTAAAATCA
 SerTyrSerCysGluProLeuGluAspLeuArgLeuLeuPheLysGlnGlnProGlyGlyLys...LeuLysSer
 AlaIleProValAsnLeu...ArgIleCysAlaCysSerSerAsnAsnAsnGlnGluGluSerAsn...AsnHis
 LeuPheLeu...ThrSerArgGlyPheAlaProAlaLeuGlnThrThrThrArgArgLysValThrLysIleIle

TAAATCCCCATGGCCCTCCCTTATCATATTTTTCTCTTTACTGTTCTTTTACCCTCTTTCACCTCTCACTGCACCC
 ...IleProMETAlaLeuProTyrHisIlePheLeuPheThrValLeuLeuProSerPheThrLeuThrAlaPro
 LysSerProTrpProSerLeuIleIlePhePheSerLeuLeuPhePheTyrProLeuSerLeuSerLeuHisPro
 AsnProHisGlyProProLeuSerTyrPheSerLeuTyrCysSerPheThrLeuPheHisSerHisCysThrPro

CCTCCATGCCGCTGTATGACCAGTAGCTCCCTTACCAAGAGTTTCTATGGAGAATGCAGCGTCCCGGAAATATT
ProProCysArgCysMETThrSerSerSerProTyrGlnGluPheLeuTrpArgMETGlnArgProGlyAsnIle
 LeuHisAlaAlaVal...ProValAlaProLeuThrLysSerPheTyrGlyGluCysSerValProGluIleLeu
 SerMETProLeuTyrAspGln...LeuProLeuProArgValSerMETGluAsnAlaAlaSerArgLysTyr...

GATGCCCCATCGTATAGGAGTCTTTCTAAGGGAACCCCCACCTTCACTGCCACACCCCATATGCCCCGCAACTGC
AspAlaProSerTyrArgSerLeuSerLysGlyThrProThrPheThrAlaHisThrHisMETProArgAsnCys
 METProHisArgIleGlyValPheLeuArgGluProProProSerLeuProThrProIleCysProAlaThrAla
 CysProIleVal...GluSerPhe...GlyAsnProHisLeuHisCysProHisProTyrAlaProGlnLeuLeu

TATCACTCTGCCACTCTTTGCATGCATGCAAATACTCATTATTGGACAGGAAAAATGATTAATCCTAGTTGTCCT
TyrHisSerAlaThrLeuCysMETHisAlaAsnThrHisTyrTrpThrGlyLysMETIleAsnProSerCysPro
 IleThrLeuProLeuPheAlaCysMETGlnIleLeuIleIleGlyGlnGluLys...LeuIleLeuValValLeu
 SerLeuCysHisSerLeuHisAlaCysLysTyrSerLeuLeuAspArgLysAsnAsp...Ser...LeuSerTrp

GGAGGACTTGGAGTCACTGTCTGTTGGACTTACTTCACCCAACTGGTATGTCTGATGGGGGTGGAGTTCAAGAT
GlyGlyLeuGlyValThrValCysTrpThrTyrPheThrGlnThrGlyMETSerAspGlyGlyGlyValGlnAsp
 GluAspLeuGluSerLeuSerValGlyLeuThrSerProLysLeuValCysLeuMETGlyValGluPheLysIle
 ArgThrTrpSerHisCysLeuLeuAspLeuLeuHisProAsnTrpTyrVal...TrpGlyTrpSerSerArgSer

CAGGCAAGAGAAAAACATGTAAAAGAAGTAATCTCCCAACTCACCCGGGTACATGGCACCTCTAGCCCCTACAA
GlnAlaArgGluLysHisValLysGluValIleSerGlnLeuThrArgValHisGlyThrSerSerProTyrLys
 ArgGlnGluLysAsnMET...LysLys...SerProAsnSerProGlyTyrMETAlaProLeuAlaProThrLys
 GlyLysArgLysThrCysLysArgSerAsnLeuProThrHisProGlyThrTrpHisLeu...ProLeuGlnArg

GGACTAGATCTCTCAAAACTACATGAAACCCTCCGTACCCATACTCGCCTGGTAAGCCTATTTAATACCACCTC
GlyLeuAspLeuSerLysLeuHisGluThrLeuArgThrHisThrArgLeuValSerLeuPheAsnThrThrLeu
 Asp...IleSerGlnAsnTyrMETLysProSerValProIleLeuAlaTrp...AlaTyrLeuIleProProSer
 ThrArgSerLeuLysThrThr...AsnProProTyrProTyrSerProGlyLysProIle...TyrHisProHis

ACTGGGCTCCATGAGGTCTCGGCCCAAACCTACTAACTGTTGGATATGCCTCCCCCTGAACTTCAGGCCATAT
ThrGlyLeuHisGluValSerAlaGlnAsnProThrAsnCysTrpIleCysLeuProLeuAsnPheArgProTyr
 LeuGlySerMETArgSerArgProLysThrLeuLeuThrValGlyTyrAlaSerPro...ThrSerGlyHisMET
 TrpAlaPro...GlyLeuGlyProLysProTyr...LeuLeuAspMETProProProGluLeuGlnAlaIleCys

GTTTCAATCCCTGTACCTGAACAATGGAACAACTTCAGCACAGAAATAAACACCACTTCCGTTTTAGTAGGACCT
ValSerIleProValProGluGlnTrpAsnAsnPheSerThrGluIleAsnThrThrSerValLeuValGlyPro
 PheGlnSerLeuTyrLeuAsnAsnGlyThrThrSerAlaGlnLys...ThrProLeuProPhe...AspLeu
 PheAsnProCysThr...ThrMETGluGlnLeuGlnHisArgAsnLysHisHisPheArgPheSerArgThrSer

CTTGTTTCCAATCTGGAAATAACCCATACCTCAAACCTCACCTGTGTAAATTTAGCAATACTACATACACAACC
LeuValSerAsnLeuGluIleThrHisThrSerAsnLeuThrCysValLysPheSerAsnThrThrTyrThrThr
 LeuPheProIleTrpLys...ProIleProGlnThrSerProVal...AsnLeuAlaIleLeuHisThrGlnPro
 CysPheGlnSerGlyAsnAsnProTyrLeuLysProHisLeuCysLysIle...GlnTyrTyrIleHisAsnGln

AACTCCCAATGCATCAGGTGGGTAACCTCCTCCACACAAATAGTCTGCCTACCCTCAGGAATATTTTTGTCTGT
AsnSerGlnCysIleArgTrpValThrProProThrGlnIleValCysLeuProSerGlyIlePhePheValCys
 ThrProAsnAlaSerGlyGly...LeuLeuProHisLys...SerAlaTyrProGlnGluTyrPheLeuSerVal
 LeuProMETHisGlnValGlyAsnSerSerHisThrAsnSerLeuProThrLeuArgAsnIlePheCysLeuTrp

GGTACCTCAGCCTATCGTTGTTTGAATGGCTCTTCAGAATCTATGTGCTTCCTCTCATTCTTAGTGCCCCCTATG
GlyThrSerAlaTyrArgCysLeuAsnGlySerSerGluSerMETCysPheLeuSerPheLeuValProProMET
 ValProGlnProIleValVal...METAlaLeuGlnAsnLeuCysAlaSerSerHisSer...CysProLeu...
 TyrLeuSerLeuSerLeuPheGluTrpLeuPheArgIleTyrValLeuProLeuIleLeuSerAlaProTyrAsp

ACCATCTACACTGAACAAGATTTATACAGTTATGTCATATCTAAGCCCCGCAACAAAAGAGTACCCATTCTTCCT
ThrIleTyrThrGluGlnAspLeuTyrSerTyrValIleSerLysProArgAsnLysArgValProIleLeuPro
 ProSerThrLeuAsnLysIleTyrThrValMETSerTyrLeuSerProAlaThrLysGluTyrProphePheLeu
 HisLeuHis...ThrArgPheIleGlnLeuCysHisIle...AlaProGlnGlnLysSerThrHisSerSerPhe

TTTGTTATAGGAGCAGGAGTGCTAGGTGCACTAGGTACTGGCATTGGCGGTATCACAACTCTACTCAGTTCTAC
PheValIleGlyAlaGlyValLeuGlyAlaLeuGlyThrGlyIleGlyGlyIleThrThrSerThrGlnPheTyr
 LeuLeu...GluGlnGluCys...ValHis...ValLeuAlaLeuAlaValSerGlnProLeuLeuSerSerThr
 CysTyrArgSerArgSerAlaArgCysThrArgTyrTrpHisTrpArgTyrHisAsnLeuTyrSerValLeuLeu

TACAACTATCTCAAGAACTAAATGGGGACATGGAACGGGTCGCCGACTCCCTGGTCACCTTGCAAGATCAACTT
TyrLysLeuSerGlnGluLeuAsnGlyAspMETGluArgValAlaAspSerLeuValThrLeuGlnAspGlnLeu
 ThrAsnTyrLeuLysAsn...METGlyThrTrpAsnGlySerProThrProTrpSerProCysLysIleAsnLeu
 GlnThrIleSerArgThrLysTrpGlyHisGlyThrGlyArgArgLeuProGlyHisLeuAlaArgSerThr...

AACTCCCTAGCAGCAGTAGTCCTTCAAATCGAAGAGCTTTAGACTTGCTAACCGCTGAAAGAGGGGGAACCTGT
AsnSerLeuAlaAlaValValLeuGlnAsnArgArgAlaLeuAspLeuLeuThrAlaGluArgGlyGlyThrCys
 ThrPro...GlnGln...SerPheLysIleGluGluLeu...ThrCys...ProLeuLysGluGlyGluProVal
 LeuProSerSerSerSerProSerLysSerLysSerPheArgLeuAlaAsnArg...LysArgGlyAsnLeuPhe

TTATTTTTAGGGGAAGAATGCTGTTATTATGTTAATCAATCCGGAATCGTCACTGAGAAAGTTAAAGAAATTCGA
LeuPheLeuGlyGluGluCysCysTyrTyrValAsnGlnSerGlyIleValThrGluLysValLysGluIleArg
 TyrPhe...GlyLysAsnAlaValIleMETLeuIleAsnProGluSerSerLeuArgLysLeuLysLysPheGlu
 IlePheArgGlyArgMETLeuLeuLeuCys...SerIleArgAsnArgHis...GluSer...ArgAsnSerArg

GATCGAATACAACGTAGAGCAGAGGAGCTTCGAAACACTGGACCCTGGGGCCTCCTCAGCCAATGGATGCCCTGG
AspArgIleGlnArgArgAlaGluGluLeuArgAsnThrGlyProTrpGlyLeuLeuSerGlnTrpMETProTrp
 IleGluTyrAsnValGluGlnArgSerPheGluThrLeuAspProGlyAlaSerSerAlaAsnGlyCysProGly
 SerAsnThrThr...SerArgGlyAlaSerLysHisTrpThrLeuGlyProProGlnProMETAspAlaLeuAsp

ATTCTCCCCTTCTTAGGACCTCTAGCAGCTATAATATTGCTACTCCTCTTTGGACCCTGTATCTTTAACCTCCTT
IleLeuProPheLeuGlyProLeuAlaAlaIleIleLeuLeuLeuLeuPheGlyProCysIlePheAsnLeuLeu
 PheSerProSer...AspLeu...GlnLeu...TyrCysTyrSerSerLeuAspProValSerLeuThrSerLeu
 SerProLeuLeuArgThrSerSerSerTyrAsnIleAlaThrProLeuTrpThrLeuTyrLeu...ProProCys

GTTAACCTTTGTCTCTTCCAGAATCGAAGCTGTAAACTACAAATGGAGCCCAAGATGCAGTCCAAGACTAAGATC
ValAsnPheValSerSerArgIleGluAlaValLysLeuGlnMETGluProLysMETGlnSerLysThrLysIle
 LeuThrLeuSerLeuProGluSerLysLeu...AsnTyrLysTrpSerProArgCysSerProArgLeuArgSer
 ...LeuCysLeuPheGlnAsnArgSerCysLysThrThrAsnGlyAlaGlnAspAlaValGlnAsp...AspLeu

TACCGCAGACCCCTGGACCGCCTGCTAGCCCACGATCTGATGTTAATGACATCAAAGGCACCCCTCCTGAGGAA
TyrArgArgProLeuAspArgProAlaSerProArgSerAspValAsnAspIleLysGlyThrProProGluGlu
 ThrAlaAspProTrpThrGlyLeuLeuAlaHisAspLeuMETLeuMETThrSerLysAlaProLeuLeuArgLys
 ProGlnThrProGlyProAlaCys...ProThrIle...Cys.....HisGlnArgHisProSer...GlyAsn

ATCTCAGCTGCACAACCTCTACTACGCCCCAATTCAGCAGGAAGCAGTTAGAGCGGTCTCGGCCAACCTCCCCA
IleSerAlaAlaGlnProLeuLeuArgProAsnSerAlaGlySerSer...SerGlyArgArgProThrSerPro
 SerGlnLeuHisAsnLeuTyrTyrAlaProIleGlnGlnGluAlaValArgAlaValValGlyGlnProProGln
 LeuSerCysThrThrSerThrThrProGlnPheSerArgLysGlnLeuGluArgSerSerAlaAsnLeuProAsn

ACAGCACTTAGGTTTTCTGTTGAGATGGGGG
 ThrAlaLeuArgPheSerCys...AspGlyGly
 GlnHisLeuGlyPheProValGluMETGly
 SerThr...ValPheLeuLeuArgTrpGly

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 23: HERV-7q (protéine env déduite)

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

- (B) TYPE: nucléotide
- (C) NOMBRE DE BRINS: simple
- (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: ADN (génomique)

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 23:

P K T A N L V A D I T S L A K Y Q Q V L K T L Q G
 CCCAAGACAGCCAACCTTAGTTGCAGACATCACCTCCTTAGCCAAATATCAACAAGTTCTTAAACATTACAAGGA
 T Y P X E E G K E L F H P C D M V L V K S L P S N
 ACCTATCCCTGAGAAGAGGGAAGAACTATTCCACCCTTGAGCATGGTATTAGTCAAGTCCCTTCCCTCTAAT
 S P S L D T S W E G P Y P V I L S T P T A V K V A
 TCCCCATCCCTAGATACATCCTGGGAAGGACCCTACCCAGTCATTTTATCTACCCCAACTGCGGTTAAAGTGGCT
 G V E S W I H H T X V K S W I L P K E P E N P G D
 GGAGTGGAGTCTTGGATACATCACACTTGAGTCAAATCCTGGATACTGCCAAAGGAACCTGAAAATCCAGGAGAC
 N A S Y S C E P L E D L R L L F K Q Q P G G K * L
 AACGCTAGCTATTCTGTGAACCTCTAGAGGATTTGCGCCTGCTCTTCAAACAACAACCAGGAGGAAAGTAAC
 K S X I P M A L P Y H I F L F T V L L P S F T L T
 AAATCATAAATCCCCATGGCCCTCCCTTATCATATTTTTCTCTTTACTGTTCTTTTACCCTCTTTCACTCTCACT
 A P P P C R C M T S S S P Y Q E F L W R M Q R P G
 GCACCCCTCCATGCCGCTGTATGACCAAGTAGCTCCCTTACCAAGAGTTTCTATGGAGAATGCAGCGTCCCCGA
 N I D A P S Y R S L S K G T P T F T A H T H M P R
 AATATTGATGCCCCATCGTATAGGAGTCTTTCTAAGGGAACCCCACTTCACTGCCCACACCCATATGCCCCG
 N C Y H S A T L C M H A N T H Y W T G K M I N P S
 AACTGCTATCACTCTGCCACTCTTTGCATGCATGCAAATACTCATTATTGGACAGGAAAAATGATTAATCCTAGT

C P G G L G V T V C W T Y F T Q T G M S D G G G V
 TGTCTGGAGGACTTGGAGTCACTGTCTGTTGGACTTACTTCACCCAACTGGTATGTCTGATGGGGGTGGAGTT
 Q D Q A R E K H V K E V I S Q L T R V H G T S S P
 CAAGATCAGGCAAGAGAAAAACATGTAAAGAAGTAATCTCCCAACTCACCCGGGTACATGGCACCTCTAGCCCC
 Y K G L D L S K L H E T L R T H T R L V S L F N T
 TACAAAGGACTAGATCTCTCAAACTACATGAAACCTCCGTACCCATACTCGCCTGGTAAGCCTATTTAATACC
 T L T G L H E V S A Q N P T N C W I C L P L N F R
 ACCCTCACTGGGCTCCATGAGGTCTCGGCCCAAACCCTACTAAGTGTGGATATGCCTCCCCCTGAACTTCAGG
 P Y V S I P V P E Q W N N F S T E I N T T S V L V
 CCATATGTTTCAATCCCTGTACCTGAACAATGGAACAACCTTCAGCACAGAAATAAACACCACTTCCGTTTTAGTA
 G P L V S N L E I T H T S N L T C V K F S N T T Y
 GGACCTCTTGTTCATCTGGAAATAACCCATACCTCAAACCTCACCTGTGTAAATTTAGCAATACTACATAC
 T T N S Q C I R W V T P P T Q I V C L P S G I F F
 ACAACCAACTCCCAATGCATCAGGTGGGTAACCTCTCCACACAAATAGTCTGCCTACCCCTCAGGAATATTTTTT
 V C G T S A Y R C L N G S S E S M C F L S F L V P
 GTCTGTGGTACCTCAGCCTATCGTTGTTTGAATGGCTCTTCAGAATCTATGTGCTTCTCTCATTCTTAGTGCC
 P M T I Y T E Q D L Y S Y V I S K P R N K R V P I
 CCTATGACCATCTACACTGAACAAGATTTATACAGTTATGTCATATCTAAGCCCCGCAACAAAAGAGTACCCATT
 L P F V I G A G V L G A L G T G I G G I T T S T Q
 CTTCTTTTGTATAGGAGCAGGAGTGCTAGGTGCACTAGGTACTGGCATTGGCGGTATCACAACTCTACTCAG
 F Y Y K L S Q E L N G D M E R V A D S L V T L Q D
 TTCTACTACAACTATCTCAAGAACTAAATGGGGACATGGAACGGGTGCGCGACTCCCTGGTCACCTTGCAAGAT
 Q L N S L A A V V L Q N R R A L D L L T A E R G G
 CAACTTAACCTCCCTAGCAGCAGTAGTCTTCAAAATCGAAGAGCTTTAGACTTGCTAACCGCTGAAAGAGGGGA
 T C L F L G E E C C Y Y V N Q S G I V T E K V K E
 ACCTGTTTATTTTTAGGGGAAGAATGCTGTTATTATGTTAATCAATCCGGAATCGTCACTGAGAAAGTTAAAGAA
 I R D R I Q R R A E E L R N T G P W G L L S Q W M
 ATTCGAGATCGAATACAACGTAGAGCAGAGGAGCTTCGAAACACTGGACCCTGGGGCCTCCTCAGCCAATGGATG
 P W I L P F L G P L A A I I L L L L F G P C I F N
 CCCTGGATTCTCCCCTTCTTAGGACCTCTAGCAGCTATAATATTGCTACTCCTCTTTGGACCCTGTATCTTTAAC
 L L V N F V S S R I E A V K L Q M E P K M Q S K T
 CTCCTTGTTAACTTTGTCTCTTCCAGAATCGAAGCTGTAAACTACAAATGGAGCCCAAGATGCAGTCCAAGACT
 K I Y R R P L D R P A S P R S D V N D I K G T P P
 AAGATCTACCGCAGACCCCTGGACCGGCTGCTAGCCACGATCTGATGTTAATGACATCAAAGGCACCCCTCCT
 E E I S A A Q P L L R P N S A G S S X S G R R P T
 GAGGAAATCTCAGCTGCACAACCTCTACTACGCCCAATTGAGCAGGAAGCAGTTAGAGCGGTCTCGGCCAACC
 S P T A L R F S C X
 TCCCCAACAGCACTTAGGTTTTCTGTTGA

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 24: HERV-7q (partie codante gag)

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

- (B) TYPE: nucléotide
- (C) NOMBRE DE BRINS: simple
- (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: ADN (génomique)

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 24:

T S F V E K A N G V K C H K Y
 ACC TCT TTT GTA GAA AAG GCA AAT GGA GTG AAG TGC CAT AAG TAC
 K L S F H X E T T H N Y V K S
 AAA CTT TCT TTT CAT TAA GAG ACA ACT CAC AAT TAT GTA AAA AGT
 V I Y A L Q E A F R V Y L P I
 GTG ATT TAT GCC CTA CAG GAA GCC TTC AGA GTC TAC CTC CCT ATC

P A S P T P S P T N K D P P S
 CCA GCA TCC CCG ACT CCT TCC CCA ACT AAT AAG GAC CCC CCT TCA
 T Q M V Q K E I D K R V N S E
 ACC CAA ATG GTC CAA AAG GAG ATA GAC AAA AGG GTA AAC AGT GAA
 P K S A N I P Q L X P L Q A V
 CCA AAG AGT GCC AAT ATT CCC CAA TTA TGA CCC CTC CAA GCA GTG
 G G R E F G P A R V H V P F S
 GGA GGA AGA GAA TTC GGC CCA GCC AGA GTG CAT GTG CCT TTT TCT
 L P D L K Q I K T D L G K F S
 CTC CCA GAC TTA AAG CAA ATA AAA ACA GAC TTA GGT AAA TTC TCA
 D N P D G Y I D V L Q G L G Q
 GAT AAC CCT GAT GGC TAT ATT GAT GTT TTA CAA GGG TTA GGA CAA
 F F D L T W R D I M S L L N Q
 TTC TTT GAT CTG ACA TGG AGA GAT ATA ATG TCA CTG CTA AAT CAG
 T L T P N E R S A T I T A A X
 ACA CTA ACC CCA AAT GAG AGA AGT GCC ACC ATA ACT GCA GCC TGA
 E F G D L W Y L S Q V N D R M
 GAG TTT GGC GAT CTC TGG TAT CTC AGT CAG GTC AAT GAT AGG ATG
 T T E E R E X F P T G Q Q A V
 ACA ACA GAG GAA AGA GAA TGA TTC CCC ACA GGC CAG CAG GCA GTT
 P S L D P H W D T E S E H G D
 CCC AGT CTA GAC CCT CAT TGG GAC ACA GAA TCA GAA CAT GGA GAT
 W C C R H L L T C V L E G L R
 TGG TGC TGC AGA CAT TTG CTA ACT TGT GTG CTA GAA GGA CTA AGG
 K T R K K S M N Y S M M S T I
 AAA ACT AGG AAG AAG TCT ATG AAT TAC TCA ATG ATG TCC ACC ATA
 T Q G R E E N P T A F L E R L
 ACA CAG GGA AGG GAA GAA AAT CCT ACT GCC TTT CTG GAG AGA CTA
 R E A L R K R A S L S P D S S
 AGG GAG GCA TTG AGG AAG CGT GCC TCT CTG TCA CCT GAC TCT TCT
 E G Q L I L K R K F I T Q S A
 GAA GGC CAA CTA ATC TTA AAG CGT AAG TTT ATC ACT CAG TCA GCT
 A D I R K K L Q K S A V G P E
 GCA GAC ATT AGA AAA AAA CTT CAA AAG TCT GCC GTA GGC CCG GAG
 Q N L E T L L N L A T S V F Y
 CAA AAC TTA GAA ACC CTA TTG AAC TTG GCA ACC TCG GTT TTT TAT
 N R D Q E E Q A E Q D K R D X
 AAT AGA GAT CAG GAG GAG CAG GCG GAA CAG GAC AAA CGG GAT TAA
 K K G H R F S H D P Q A S G L
 AAA AAA GGC CAC CGC TTT AGT CAT GAC CCT CAG GCA AGT GGA CTT
 W R L W K R E K L G K L N A X
 TGG AGG CTC TGG AAA AGG GAA AAG CTG GGC AAA TTG AAT GCC TAA

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 25: protéine env (cadre de lecture 1)

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

(B) TYPE: acide aminé,

(D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: protéine

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 25:

PKTANLVADITSLAKYQQVLKTLQGTYPXEEGKELFHPCDMVLVKSLSNSPSLDTSWEG
 PYPVILSTPTAVKVAGVESWIHHTXVKSUILPKEPENPGDNASYSCEPLEDLRLLLFKQQP
 GGKXLKSXIPMALPYHIFLFTVLLPSFTLTAPPPCRCMTSSSPYQEFLLWRMQRPGNIDAP
 SYRSLSKGTPTFTAHTHMPRNCYHSATLCMHANTHYWTGKMINPSCPGGLGVTVWCWYFT

QTGMSDGGGVQDQAREKHVKEVISQLTRVHGTSSPYKGLDLSKLHETLRTHTRLVSLFNT
 TLTGLHEVSAQNPTNCWICLPLNFRPYVSI PVPEQWNNFSTEINTTSVLVGPLVSNLEIT
 HTSNLTCVKFSNTTYTTNSQCIRWVTPPTQIVCLPSGIFVCGTSAYRCLNGSSES MCFL
 SFLVPPMTIYTEQDLYSYVISKPRNKRVPILPFVIGAGVLGALGTGIGGITTSTQFYFKL
 SQELNGDMERVADSLVTLQDQLNSLAAVVLQNRRLDLLTAERGGTCLFLGEECCYYVNQ
 SGIVTEKVKEIRDRIQRRAEELRNTGPWGLLSQWMPWILPFLGPLAAIILLLLFGPCIFN
 LLVNFVSSRIEAVKLQMEPKMQSKTKIYRRPLDRPASPRSDVNDIKGTPPEEISAAQPLL
 RPNSAGSSXSRRPTSPTALRFSCX

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 26: protéine gag

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

(B) TYPE: acide aminé,

(D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: protéine

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 26:

TSFVEKANGVKCHKYKLSFHXETTHNYVKSVIYALQEAFRVYLPIPASPTPSPTNKDPPS
 TQMVQKEIDKRVNSEPKSANIPQLXPLQAVGGREFGPARVHVPFSLPDLKQIKTDLGKFS
 DNPDGYIDVLQGLGQFFDLTWRDIMSLLNQTLTPNERSATITAAXEFGDLWYLSQVNDRM
 TTEEREXFPTGQAVPSLDPHWDTESEHGDWCCRHLCTVLEGLRKTRKKS MNYSMMSTI
 TQGREENPTAFLERLREALRKRA SLSPDSSEGQLILKRKFITQSAADIRKKLQKSAVGPE
 QNLETLNLATSVFYNRDQEEQAEQDKRDXXKKGHRFSHDPQASGLWRLWKREKLGKLNAX

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 27: protéine env (cadre de lecture 1)

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

(B) TYPE: acide aminé,

(D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: protéine

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 27:

LysLeuLeuGlnGluAsnLysGluGlnAlaIleThrLeuGluLysThrGlyAsn...PheTyrProGlnAlaGln
 ThrSerGlyIleSerValSerThrSerLeuGlyArgTyrPheHisGlyLeuGlyArgGlyLeuProLeu...Asp
 ArgLysGlyProArgGlyAsnLysGlyThrSerSer...AsnAsnSerGlnIleArgThrSerProArgLeuThr
 Glu...Gln...ProCysPheProGlyHisSerAsnProGlySerIleProGlyValArgTyrThrIleSerLeu
 ThrLeuArgLeuLysAlaThrValLeuArgGluGlyArgGluAsnGlu...AsnThrGlnArgThrSerLysLys
 AlaAsnProGlyAsnProProHisMETAlaCysSerValAlaTyrSerLeuLysLysAsnLeuGlnLeuSerPro
 LysSerArgThr...ProIleArgAsnAlaValTrpLysAlaLeuHisAsnGln...ProCysAla...ProLys
 ThrAlaAsnLeuValAlaAspIleThrSerLeuAlaLysTyrGlnGlnValLeuLysThrLeuGlnGlyThrTyr
 Pro...GluGluGlyLysGluLeuPheHisProCysAspMETValLeuValLysSerLeuProSerAsnSerPro
 SerLeuAspThrSerTrpGluGlyProTyrProValIleLeuSerThrProThrAlaValLysValAlaGlyVal

GluSerTrpIleHisHisThr...ValLysSerTrpIleLeuProLysGluProGluAsnProGlyAspAsnAla
 SerTyrSerCysGluProLeuGluAspLeuArgLeuLeuPheLysGlnGlnProGlyGlyLys...LeuLysSer
 ...IleProMETAlaLeuProTyrHisIlePheLeuPheThrValLeuLeuProSerPheThrLeuThrAlaPro
ProProCysArgCysMETThrSerSerSerProTyrGlnGluPheLeuTrpArgMETGlnArgProGlyAsnIle
AspAlaProSerTyrArgSerLeuSerLysGlyThrProThrPheThrAlaHisThrHisMETProArgAsnCys
TyrHisSerAlaThrLeuCysMETHisAlaAsnThrHisTyrTrpThrGlyLysMETIleAsnProSerCysPro
GlyGlyLeuGlyValThrValCysTrpThrTyrPheThrGlnThrGlyMETSerAspGlyGlyGlyValGlnAsp
GlnAlaArgGluLysHisValLysGluValIleSerGlnLeuThrArgValHisGlyThrSerSerProTyrLys
GlyLeuAspLeuSerLysLeuHisGluThrLeuArgThrHisThrArgLeuValSerLeuPheAsnThrThrLeu
ThrGlyLeuHisGluValSerAlaGlnAsnProThrAsnCysTrpIleCysLeuProLeuAsnPheArgProTyr
ValSerIleProValProGluGlnTrpAsnAsnPheSerThrGluIleAsnThrThrSerValLeuValGlyPro
LeuValSerAsnLeuGluIleThrHisThrSerAsnLeuThrCysValLysPheSerAsnThrThrTyrThrThr
AsnSerGlnCysIleArgTrpValThrProProThrGlnIleValCysLeuProSerGlyIlePhePheValCys
GlyThrSerAlaTyrArgCysLeuAsnGlySerSerGluSerMETCysPheLeuSerPheLeuValProProMET
ThrIleTyrThrGluGlnAspLeuTyrSerTyrValIleSerLysProArgAsnLysArgValProIleLeuPro
PheValIleGlyAlaGlyValLeuGlyAlaLeuGlyThrGlyIleGlyGlyIleThrThrSerThrGlnPheTyr
TyrLysLeuSerGlnGluLeuAsnGlyAspMETGluArgValAlaAspSerLeuValThrLeuGlnAspGlnLeu
AsnSerLeuAlaAlaValValLeuGlnAsnArgArgAlaLeuAspLeuLeuThrAlaGluArgGlyGlyThrCys
LeuPheLeuGlyGluGluCysCysTyrTyrValAsnGlnSerGlyIleValThrGluLysValLysGluIleArg
AspArgIleGlnArgArgAlaGluGluLeuArgAsnThrGlyProTrpGlyLeuLeuSerGlnTrpMETProTrp
IleLeuProPheLeuGlyProLeuAlaAlaIleIleLeuLeuLeuLeuPheGlyProCysIlePheAsnLeuLeu
ValAsnPheValSerSerArgIleGluAlaValLysLeuGlnMETGluProLysMETGlnSerLysThrLysIle
TyrArgArgProLeuAspArgProAlaSerProArgSerAspValAsnAspIleLysGlyThrProProGluGlu
IleSerAlaAlaGlnProLeuLeuArgProAsnSerAlaGlySerSer...SerGlyArgArgProThrSerPro
 ThrAlaLeuArgPheSerCys...AspGlyGly

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 28: protéine env (cadre de lecture 2)

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
 - (B) TYPE: acide aminé,
 - (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: protéine

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 28:

SerSerPheArgArgThrLysAsnArgProLeuProTrpArgArgLeuAlaThrAspPheThrHisLysProLys
ProGlnGlyPheGlnTyrLeuLeuValTrpValAspThrPheThrGlyTrpAlaGluAlaPheProCysArgThr
GluLysAlaGlnGluValIleLysAlaLeuValHisGluIleIleProArgPheGlyLeuProArgGlyLeuGln
SerAspAsnSerProAlaPheGlnAlaThrValThrGlnGlyValSerGlnAlaLeuGlyIleArgTyrHisLeu
HisCysAla...ArgProGlnSerSerGlyLysValGluLysMETAsnGluThrLeuLysGlyHisLeuLysLys
GlnThrGlnGluThrHisLeuThrTrpProAlaLeuLeuProIleAlaLeuLysArgIleCysAsnPheProGln
LysAlaGlyLeuSerProTyrGluMETLeuTyrGlyArgProPheIleThrAsnAspLeuValLeuAspProArg
GlnProThr...LeuGlnThrSerProPro...ProAsnIleAsnLysPheLeuLysHisTyrLysGluProIle
ProGluLysArgGluLysAsnTyrSerThrLeuValThrTrpTyr...SerSerProPheProLeuIleProHis
Pro...IleHisProGlyLysAspProThrGlnSerPheTyrLeuProGlnLeuArgLeuLysTrpLeuGluTrp
SerLeuGlyTyrIleThrLeuGluSerAsnProGlyTyrCysGlnArgAsnLeuLysIleGlnGluThrThrLeu
AlaIleProValAsnLeu...ArgIleCysAlaCysSerSerAsnAsnAsnGlnGluGluSerAsn...AsnHis
LysSerProTrpProSerLeuIleIlePhePheSerLeuLeuPhePheTyrProLeuSerLeuSerLeuHisPro
LeuHisAlaAlaVal...ProValAlaProLeuThrLysSerPheTyrGlyGluCysSerValProGluIleLeu
METProHisArgIleGlyValPheLeuArgGluProProProSerLeuProThrProIleCysProAlaThrAla
IleThrLeuProLeuPheAlaCysMETGlnIleLeuIleIleGlyGlnGluLys...LeuIleLeuValValLeu
GluAspLeuGluSerLeuSerValGlyLeuThrSerProLysLeuValCysLeuMETGlyValGluPheLysIle
ArgGlnGluLysAsnMET...LysLys...SerProAsnSerProGlyTyrMETAlaProLeuAlaProThrLys
Asp...IleSerGlnAsnTyrMETLysProSerValProIleLeuAlaTrp...AlaTyrLeuIleProProSer
LeuGlySerMETArgSerArgProLysThrLeuLeuThrValGlyTyrAlaSerPro...ThrSerGlyHisMET
PheGlnSerLeuTyrLeuAsnAsnGlyThrThrSerAlaGlnLys...ThrProLeuProPhe.....AspLeu
LeuPheProIleTrpLys...ProIleProGlnThrSerProVal...AsnLeuAlaIleLeuHisThrGlnPro
ThrProAsnAlaSerGlyGly...LeuLeuProHisLys...SerAlaTyrProGlnGluTyrPheLeuSerVal

ValProGlnProIleValVal...METAlaLeuGlnAsnLeuCysAlaSerSerHisSer...CysProLeu...
 ProSerThrLeuAsnLysIleTyrThrValMETSerTyrLeuSerProAlaThrLysGluTyrProPhePheLeu
 LeuLeu...GluGlnGluCys...ValHis...ValLeuAlaLeuAlaValSerGlnProLeuLeuSerSerThr
 ThrAsnTyrLeuLysAsn...METGlyThrTrpAsnGlySerProThrProTrpSerProCysLysIleAsnLeu
 ThrPro...GlnGln...SerPheLysIleGluGluLeu...ThrCys...ProLeuLysGluGlyGluProVal
 TyrPhe...GlyLysAsnAlaValIleMETLeuIleAsnProGluSerSerLeuArgLysLeuLysLysPheGlu
 IleGluTyrAsnValGluGlnArgSerPheGluThrLeuAspProGlyAlaSerSerAlaAsnGlyCysProGly
 PheSerProSer...AspLeu...GlnLeu...TyrCysTyrSerSerLeuAspProValSerLeuThrSerLeu
 LeuThrLeuSerLeuProGluSerLysLeu...AsnTyrLysTrpSerProArgCysSerProArgLeuArgSer
 ThrAlaAspProTrpThrGlyLeuLeuAlaHisAspLeuMETLeuMETThrSerLysAlaProLeuLeuArgLys
 SerGlnLeuHisAsnLeuTyrTyrAlaProIleGlnGlnGluAlaValArgAlaValValGlyGlnProProGln
 GlnHisLeuGlyPheProValGluMETGly

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 29: protéine env (cadre de lecture 3)

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

(B) TYPE: acide aminé,

(D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: protéine

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 29:

AlaProSerGlyGluGlnArgThrGlyHisTyrProGlyGluAspTrpGlnLeuIleLeuProThrSerProAsn
 LeuArgAspPheSerIleTyr...SerGly...IleLeuSerArgValGlyGlnArgProSerProValGlyGln
 LysArgProLysArg.....ArgHis...PheMETLys...PheProAspSerAspPheProGluAlaTyrArg
 ValThrIleAlaLeuLeuSerArgProGln...ProArgGluTyrProArgArg...ValTyrAspIleThrTyr
 ThrAlaProGluGlyHisSerProGlnGlyArgSerArgLys...METLysHisSerLysAspIle...LysSer
 LysProArgLysProThrSerHisGlyLeuLeuCysCysLeu...Pro...LysGluSerAlaThrPheProLys
 LysGlnAspLeuAlaHisThrLysCysCysMETGluGlyProSer...ProMETThrLeuCysLeuThrGlnAsp
 SerGlnLeuSerCysArgHisHisLeuLeuSerGlnIleSerThrSerSer...AsnIleThrArgAsnLeuSer
 LeuArgArgGlyLysArgThrIleProProLeu...HisGlyIleSerGlnValProSerLeu...PheProIle

ProArgTyrIleLeuGlyArgThrLeuProSerHisPheIleTyrProAsnCysGly...SerGlyTrpSerGly
 ValLeuAspThrSerHisLeuSerGlnIleLeuAspThrAlaLysGlyThr...LysSerArgArgGlnArg...
 LeuPheLeu...ThrSerArgGlyPheAlaProAlaLeuGlnThrThrThrArgArgLysValThrLysIleIle
 AsnProHisGlyProProLeuSerTyrPheSerLeuTyrCysSerPheThrLeuPheHisSerHisCysThrPro
 SerMETProLeuTyrAspGln...LeuProLeuProArgValSerMETGluAsnAlaAlaSerArgLysTyr...
 CysProIleVal...GluSerPhe...GlyAsnProHisLeuHisCysProHisProTyrAlaProGlnLeuLeu
 SerLeuCysHisSerLeuHisAlaCysLysTyrSerLeuLeuAspArgLysAsnAsp...Ser...LeuSerTrp
 ArgThrTrpSerHisCysLeuLeuAspLeuLeuHisProAsnTrpTyrVal...TrpGlyTrpSerSerArgSer
 GlyLysArgLysThrCysLysArgSerAsnLeuProThrHisProGlyThrTrpHisLeu...ProLeuGlnArg
 ThrArgSerLeuLysThrThr...AsnProProTyrProTyrSerProGlyLysProIle...TyrHisProHis
 TrpAlaPro...GlyLeuGlyProLysProTyr...LeuLeuAspMETProProProGluLeuGlnAlaIleCys
 PheAsnProCysThr...ThrMETGluGlnLeuGlnHisArgAsnLysHisHisPheArgPheSerArgThrSer
 CysPheGlnSerGlyAsnAsnProTyrLeuLysProHisLeuCysLysIle...GlnTyrTyrIleHisAsnGln
 LeuProMETHisGlnValGlyAsnSerSerHisThrAsnSerLeuProThrLeuArgAsnIlePheCysLeuTrp
 TyrLeuSerLeuSerLeuPheGluTrpLeuPheArgIleTyrValLeuProLeuIleLeuSerAlaProTyrAsp
 HisLeuHis...ThrArgPheIleGlnLeuCysHisIle...AlaProGlnGlnLysSerThrHisSerSerPhe
 CysTyrArgSerArgSerAlaArgCysThrArgTyrTrpHisTrpArgTyrHisAsnLeuTyrSerValLeuLeu
 GlnThrIleSerArgThrLysTrpGlyHisGlyThrGlyArgArgLeuProGlyHisLeuAlaArgSerThr...
 LeuProSerSerSerSerProSerLysSerLysSerPheArgLeuAlaAsnArg...LysArgGlyAsnLeuPhe
 IlePheArgGlyArgMETLeuLeuLeuCys...SerIleArgAsnArgHis...GluSer...ArgAsnSerArg
 SerAsnThrThr...SerArgGlyAlaSerLysHisTrpThrLeuGlyProProGlnProMETAspAlaLeuAsp
 SerProLeuLeuArgThrSerSerSerTyrAsnIleAlaThrProLeuTrpThrLeuTyrLeu...ProProCys
 ...LeuCysLeuPheGlnAsnArgSerCysLysThrThrAsnGlyAlaGlnAspAlaValGlnAsp...AspLeu
 ProGlnThrProGlyProAlaCys...ProThrIle...Cys.....HisGlnArgHisProSer...GlyAsn
 LeuSerCysThrThrSerThrThrProGlnPheSerArgLysGlnLeuGluArgSerSerAlaAsnLeuProAsn

SerThr...ValPheLeuLeuArgTrpGly

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO:30 : G1F

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
 - (A) LONGUEUR: 26 paires de bases
 - (B) TYPE: nucléotide
 - (C) NOMBRE DE BRINS: simple
 - (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: ADNc (amorce)

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO:30 :

GGACCATAGAGGACACTCCAGGACTA

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO:31 : G1R

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
 - (A) LONGUEUR: 25 paires de bases
 - (B) TYPE: nucléotide
 - (C) NOMBRE DE BRINS: simple
 - (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: ADNc (amorce)

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO:31 :

CCTCAGTCCTGCTGCTGGATCATCT

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO:32 : G2F

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
 - (A) LONGUEUR: 27 paires de bases
 - (B) TYPE: nucléotide
 - (C) NOMBRE DE BRINS: simple
 - (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: ADNc (amorce)

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO:32 :

CCTCCAAGCAGTGGGAGGAAGAGAATT

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO:33 : G2R

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
 - (A) LONGUEUR: 28 paires de bases
 - (B) TYPE: nucléotide
 - (C) NOMBRE DE BRINS: simple
 - (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: ADNc (amorce)

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO:33 :

CCTTCCCTGTGTTATTGTGGACATCATT

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO:34 : G4F

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
 - (A) LONGUEUR: 30 paires de bases
 - (B) TYPE: nucléotide
 - (C) NOMBRE DE BRINS: simple
 - (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: ADNc (amorce)

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO:34 :

GGAAGAAGTCTATGAATTATTCAATGATGT

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO:35 : G3F

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
 - (A) LONGUEUR: 27 paires de bases
 - (B) TYPE: nucléotide
 - (C) NOMBRE DE BRINS: simple
 - (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: ADNc (amorce)

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO:35 :

GGGACACAGAATCAGAACATGGAGATT

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO:36 : G4R

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
 - (A) LONGUEUR: 27 paires de bases
 - (B) TYPE: nucléotide
 - (C) NOMBRE DE BRINS: simple
 - (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: ADNc (amorce)

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO:36 :

GCCTTCAGAAGAGTCAGGTGACAGAGA

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO:37 : G5R

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
 - (A) LONGUEUR: 25 paires de bases
 - (B) TYPE: nucléotide
 - (C) NOMBRE DE BRINS: simple
 - (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: ADNc (amorce)

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO:37 :

GAGCCTCCAAAGTCCACTTGCCTGA

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO:38 : E1F

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
 - (A) LONGUEUR: 29 paires de bases
 - (B) TYPE: nucléotide

- (C) NOMBRE DE BRINS: simple
- (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: ADNc (amorce)

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO:38 :

GATTCAGTATCTACTAGTCTGGGTAGAT

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO:39 : E1R

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
 - (A) LONGUEUR: 27 paires de bases
 - (B) TYPE: nucléotide
 - (C) NOMBRE DE BRINS: simple
 - (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: ADNc (amorce)

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO:39 :

CTAGGAAATCCAGCTAGTCCTGTCTCA

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO:40 : E2F

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
 - (A) LONGUEUR: 28 paires de bases
 - (B) TYPE: nucléotide
 - (C) NOMBRE DE BRINS: simple
 - (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: ADNc (amorce)

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO:40 :

CCAAGACAGCCAACTTAGTTGCAGACAT

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO:41 : E2R

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
 - (A) LONGUEUR: 28 paires de bases
 - (B) TYPE: nucléotide
 - (C) NOMBRE DE BRINS: simple
 - (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: ADNc (amorce)

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO:41 :

GGACGCTGCATTCTCCATAGAAACTCTT

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO:42 : E3F

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
 - (A) LONGUEUR: 29 paires de bases
 - (B) TYPE: nucléotide
 - (C) NOMBRE DE BRINS: simple
 - (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: ADNc (amorce)

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO:42 :

GCAATACTACATACACAACCAACTCCCAA

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO:43 : E3R

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

- (A) LONGUEUR: 26 paires de bases
- (B) TYPE: nucléotide
- (C) NOMBRE DE BRINS: simple
- (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: ADNc (amorce)

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO:43 :

GGGGGAGGCATATCCAACAGTTAGTA

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO:44 : E4F

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

- (A) LONGUEUR: 30 paires de bases
- (B) TYPE: nucléotide
- (C) NOMBRE DE BRINS: simple
- (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: ADNc (amorce)

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO:44 :

CCATCTACACTGAACAAGATTTATACACTT

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO:45 : E4R

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

- (A) LONGUEUR: 28 paires de bases
- (B) TYPE: nucléotide
- (C) NOMBRE DE BRINS: simple
- (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: ADNc (amorce)

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO:45 :

AATGCCAGTACCTAGTGACCTAGCACT

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO:46 : E5F

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

- (A) LONGUEUR: 31 paires de bases
- (B) TYPE: nucléotide
- (C) NOMBRE DE BRINS: simple
- (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: ADNc (amorce)

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO:46 :

CGAATACAACGTAGAGCAGAGGAGCTTCGAA

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO:47 : E6F

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
 - (A) LONGUEUR: 28 paires de bases
 - (B) TYPE: nucléotide
 - (C) NOMBRE DE BRINS: simple
 - (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: ADNc (amorce)

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO:47 :

AGCCCAAGATGCAGTCCAAGACTAAGAT

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO:48 : E5R

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
 - (A) LONGUEUR: 27 paires de bases
 - (B) TYPE: nucléotide
 - (C) NOMBRE DE BRINS: simple
 - (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: ADNc (amorce)

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO:48 :

GCGTAGTAGAGGTTGTGCAGCTGAGAT

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO:49 : ExF

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
 - (A) LONGUEUR: 27 paires de bases
 - (B) TYPE: nucléotide
 - (C) NOMBRE DE BRINS: simple
 - (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: ADNc (amorce)

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO:49 :

CCCTTACCAAGAGTTTCTATGGAGAAT

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO:50 : ExR

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
 - (A) LONGUEUR: 27 paires de bases
 - (B) TYPE: nucléotide
 - (C) NOMBRE DE BRINS: simple
 - (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: ADNc (amorce)

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO:50 :

ACCGCTCTAACTGCTTCCTGCTGAATT

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 51: protéine gag

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
 - (B) TYPE: acide aminé,
 - (D) CONFIGURATION: linéaire

- (ii) TYPE DE MOLECULE: protéine
(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 51:

TSFVEKANGVKCHKYKLSFHKETTHNYVKSVIYALQEAFRVYLPILPASPTPSPTNKDPPSTQMVQKEIDKRVN
SEPKSANIPQLXPLQAVGGREFGPARVHVPFSLPDLKQIKTDLGKFSNPDGYIDVLQGLGQFFDLTWRDIMSL
LNQTLTPNERSATITAAXEFGDLWYLSQVNDRTTEEREXFPTGQQAVPSLDPHWDTESEHGDWCCRHLITCVL
EGLRKTRKKSMNYSMMSTITQGREENPTAFLERLREALRKASLSPDSSEGQLILKRKFITQSAADIRKKLQKS
AVGPEQNLETLLNLATSVFYNRDQEEQAEQDKRDXXKGHRFSDHPQASGLWRLWKREKLGKLNAXXGLLPVRST
RTLXKRLSKXXAAPSMPPLISRESLEGPLPQGTKVLXVRSHXPD/SSSRT

PROPRIETE

REVENDECATIONS

1°) Fragment d'acide nucléique purifié, caractérisé en ce qu'il comprend tout ou partie d'une séquence codant pour une séquence rétrovirale endogène humaine, qui présente au moins des motifs rétroviraux de type *env*, répondant à la séquence SEQ ID NO:1 ou à une séquence présentant un niveau d'homologie avec ladite séquence SEQ ID NO:1 supérieur ou égal à 80% sur plus de 190 nucléotides ou supérieur ou égal à 70% sur plus de 600 nucléotides pour les domaines de type *env*.

2°) Fragment d'acide nucléique selon la revendication 1, caractérisé en ce qu'il présente à la fois de motifs rétroviraux correspondant à un domaine *env* et répondant à la séquence SEQ ID NO:1 et des motifs rétroviraux correspondant à un domaine *gag* et répondant à la séquence SEQ ID NO:2 ou à une séquence présentant un niveau d'homologie supérieur ou égal à 80% sur plus de 190 nucléotides ou supérieur ou égal à 70% sur plus de 600 nucléotides pour les domaines de type *env* et un niveau d'homologie supérieur ou égal à 90% sur plus de 700 nucléotides ou supérieur ou égal à 70% sur plus de 1200 nucléotides pour les domaines de type *gag*, lesquels motifs ne présentent aucune insertion ou délétion supérieure à 200 nucléotides.

3°) Fragment d'acide nucléique, caractérisé en ce qu'il comprend un segment d'une séquence selon la revendication 1 ou la revendication 2 et notamment les séquence SEQ ID NO:3-24, les séquences nucléiques complémentaires et les séquences inverses complémentaires des séquences précédentes ainsi que les fragments issus des régions codantes des séquences précédentes correspondant à un cadre glissant supérieur ou égal à 14 nucléotides ou leurs séquences complémentaires.

4°) Transcrits, caractérisé en ce qu'ils sont générés à partir des séquences selon l'une quelconque des revendications 1 à 3.

5°) Réactif de diagnostic pour la détection différentielle de séquences nucléiques endogènes humaines complètes ou partielles, présentant des motifs rétroviraux, sélectionnés parmi les séquences SEQ ID NO:1 et/ou SEQ ID NO:2, caractérisé en ce qu'il est sélectionné dans le groupe constitué par les séquences SEQ ID NO:1-50, les séquences nucléiques complémentaires et les séquences inverses complémentaires des séquences précédentes, par les fragments nucléotidiques capables de définir ou d'identifier les séquences SEQ ID NO:1 et/ou SEQ ID NO:2 et

toute séquence flanquante ou les chevauchants ainsi que par les fragments issus des régions codantes des séquences SEQ ID NO:1-24, correspondant à un cadre glissant supérieur ou égal à 14 nucléotides ou leurs séquences complémentaires, éventuellement marquées avec un marqueur approprié.

5 6°) Réactif selon la revendication 5, caractérisé en ce qu'il est choisi dans les régions situées entre les nucléotides 3065 et 4390 et les nucléotides 6965 et 9550 de la SEQ ID NO:3.

7°) Réactif selon la revendication 5, caractérisé en ce qu'il est sélectionné parmi les séquences SEQ ID NO:30-50 et en ce qu'il est apte à être utilisé
10 comme amorce.

8°) Réactif selon la revendication 5, caractérisé en ce qu'il est sélectionné parmi les séquences suivantes :

- un fragment de 1505 nt amplifié par le couple d'amorces SEQ ID NO:30 et SEQ ID NO:31 (amorces G1F et G1R),

15 - un fragment de 2529 nt amplifié par le couple d'amorces SEQ ID NO:38 et SEQ ID NO:39 (amorces E1F et E1R) et en ce qu'il est apte à être utilisé comme sonde.

9°) Procédé de détection rapide et différentiel des séquences nucléiques rétrovirales endogènes de type *env* ou *env* et *gag*, de leurs variants
20 normaux ou pathologiques, par hybridation et/ou amplification génique, réalisé à partir d'un échantillon biologique, lequel procédé est caractérisé en ce qu'il comprend :

(a) une étape dans laquelle l'on met en contact un échantillon biologique à analyser avec au moins une sonde selon la revendication 5, la revendication 6 ou la revendication 8 et

25 (b) une étape dans laquelle on détecte par tout moyen approprié le ou les produits résultants de l'interaction séquence nucléotidique-sonde.

10°) Procédé de détection selon la revendication 9, caractérisé en ce qu'il comprend :

* préalablement à l'étape (a) :

30 - une étape de préparation du tissu ou du liquide biologique concerné,

. une étape d'extraction de l'acide nucléique à détecter, et
. au moins un cycle d'amplification génique mis en œuvre à l'aide
d'au moins un réactif selon l'une quelconque des revendications 5 à 7 et

* postérieurement à l'étape (b) :

5 . une étape de comparaison des séquences nucléiques obtenues dans
ledit échantillon biologique avec les séquences rétrovirales endogènes humaines selon
l'une quelconque des revendications 1 à 3, par tout moyen approprié et notamment par
séquençage, Southern-blot, coupure de restriction, SSCP ou toute autre méthode
permettant d'identifier une insertion ou une délétion ou encore une simple mutation
10 entre les différentes séquences comparées.

11°) Procédé de détection des transcrits selon la revendication 4,
caractérisé en ce qu'il comprend :

- le prélèvement des ARN messagers provenant de tissus témoins et
de tissus prélevé chez des patients et
15 - l'analyse qualitative et/ou quantitative desdits ARNm, par hybri-
dation *in situ*, par dot-blot, Northern-blot, RNase mapping ou RT-PCR, à l'aide d'un
réactif de diagnostic selon l'une quelconque des revendications 5 à 8.

12°) Produits de traduction, caractérisés en ce qu'ils sont codés par
une séquence nucléotidique selon l'une quelconque des revendications 1 à 3.

20 13°) Peptide, caractérisé en ce qu'il est susceptible d'être exprimé à
l'aide d'une séquence nucléotidique sélectionnée dans le groupe constitué par les
séquences SEQ ID NO:1-24 selon l'une quelconque des revendications 1 à 3, selon les
combinaisons offertes par l'usage des différents cadres de lecture possibles.

14°) Peptide selon la revendication 13, caractérisé en ce qu'il
25 englobe les peptides dérivés comprenant entre 5 et 540 aminoacides.

15°) Peptide selon la revendication 13 ou la revendication 14,
caractérisé en ce qu'il est sélectionné parmi les séquences SEQ ID NO :25-29 et la
séquence SEQ ID NO :51.

16°) Peptide selon l'une quelconque des revendications 13 à 15,
30 caractérisé en ce qu'il est obtenu à partir des séquences nucléiques selon l'une
quelconque des revendications 1 à 3, dans lesquelles au moins un codon non-sens peut

être remplacé par un codon codant pour l'un des aminoacides suivants : Phe (F), Leu (L), Ser (S), Tyr (Y), Cys (C), Trp (W), Gln (Q), Arg (R), Lys (K), Glu (E) ou Gly (G).

17°) Anticorps, caractérisé en ce qu'il est dirigé contre l'un ou
5 plusieurs des peptides selon l'une quelconque des revendications 13 à 16.

18°) Procédé de dépistage immunologique différentiel de séquences
rétrovirales endogènes humaines de la famille HERV-7q normales ou pathologiques,
caractérisé en ce qu'il comprend la mise en contact d'un échantillon biologique avec
un anticorps selon la revendication 17, la lecture du résultat étant révélée par un
10 moyen approprié, notamment EIA, ELISA, RIA, fluorescence.

19°) Procédé d'identification et de détection de motifs rétroviraux
endogènes, anormalement exprimés dans le cadre de pathologies associées au cancer,
ou de neuropathologies en particulier autoimmunes, au premier rang desquelles la
sclérose en plaques, caractérisé en ce qu'il comprend l'analyse comparée des séquences
15 extraites d'un échantillon biologique avec les séquences selon l'une quelconque des
revendications 12 à 16.

18°) Application des séquences selon l'une quelconque des revendi-
cations 1 à 6 ou 12 à 16 au diagnostic, au pronostic, à l'évaluation de la susceptibilité
génétique, à toutes maladies humaines induites, innées ou acquises en particulier
20 celles à composantes cancéreuses, autoimmunes et/ou à incidence neurologique,
comme la sclérose en plaques, les syndromes associés et les maladies neurodégénéra-
tives où intervient tout ou partie des séquences selon l'une quelconque des revendi-
cations 1 à 5 et des formes endogènes ou exogènes apparentées.

19°) Séquences nucléiques hybrides, caractérisées en ce qu'elles
25 comprennent des séquences ou motifs selon l'une quelconque des revendications 1 à
5, combinés avec des séquences ou motifs d'origine endogène ou d'origine ou induits
de manière exogène.

20°) Vecteur recombinant de clonage ou d'expression, caractérisé en
ce qu'il comprend une séquence nucléique selon l'une quelconque des revendications
30 1 à 4.

de la RNase H,

- les régions *gag* et *pol* pourraient être considérées comme jointives avec un passage de la région *gag* à la région *pol* par un décalage du cadre de lecture.

La présente invention englobe les séquences appartenant à la famille
 5 HERV-7q telle que définie ci-dessus (présence de la séquence SEQ ID NO:1 ou d'une séquence homologue ou présence à la fois des séquences SEQ ID NO:1 et SEQ ID NO:2) et notamment les séquences SEQ ID NO:3-24 ; elle englobe également les séquences nucléiques complémentaires et les séquences inverses complémentaires des séquences précédentes ainsi que les fragments issus des régions codantes des
 10 séquences précédentes correspondant à un cadre glissant supérieur ou égal à 14 nucléotides ou leurs séquences complémentaires. (SEQ ID NO :30-50)

Ces différents fragments peuvent avantageusement être utilisés comme amorces ou comme sondes ; ils s'hybrident spécifiquement à une séquence de la famille HERV-7q.

15 Parmi ces fragments, on peut citer, de préférence les fragments suivants:

- un fragment de 182 nucléotides répété deux fois, situé en amont du domaine *gag* aux positions 2502-2611/2613-2865 de la SEQ ID NO:3 ;

Amorces et sondes spécifiques de la région *gag*

20 - une amorce G1F, sens, localisée dans la région amont du domaine *gag* de HERV-7q : 5' GGACCATAGAGGACACTCCAGGACTA 3' (SEQ ID NO:30);

- une amorce G1R, anti-sens, localisée dans la région 3' terminale du domaine *gag* : 5' CCTCAGTCCTGCTGCTGGATCATCT 3' (SEQ ID NO :31)

25 - le fragment de 1505 nt amplifié par le couple G1F-G1R est utilisé afin de générer les sondes aptes à hybrider les différents produits d'amplification des PCR ;

- une amorce G2F, sens nichée : (SEQ ID NO :32)
 5' CCTCCAAGCAGTGGGAGGAAGAGAATT 3'

REVENDECATIONS

1°) Fragment d'acide nucléique purifié, caractérisé en ce qu'il comprend tout ou partie d'une séquence codant pour une séquence rétrovirale endogène humaine, qui présente au moins des motifs rétroviraux de type *env*, répondant à la séquence SEQ ID NO:1 ou à une séquence présentant un niveau d'homologie avec ladite séquence SEQ ID NO:1 supérieur ou égal à 80% sur plus de 190 nucléotides ou supérieur ou égal à 70% sur plus de 600 nucléotides pour les domaines de type *env*.

2°) Fragment d'acide nucléique selon la revendication 1, caractérisé en ce qu'il présente à la fois de motifs rétroviraux correspondant à un domaine *env* et répondant à la séquence SEQ ID NO:1 et des motifs rétroviraux correspondant à un domaine *gag* et répondant à la séquence SEQ ID NO:2 ou à une séquence présentant un niveau d'homologie supérieur ou égal à 80% sur plus de 190 nucléotides ou supérieur ou égal à 70% sur plus de 600 nucléotides pour les domaines de type *env* et un niveau d'homologie supérieur ou égal à 90% sur plus de 700 nucléotides ou supérieur ou égal à 70% sur plus de 1200 nucléotides pour les domaines de type *gag*, lesquels motifs ne présentent aucune insertion ou délétion supérieure à 200 nucléotides.

3°) Fragment d'acide nucléique, caractérisé en ce qu'il comprend un segment d'une séquence selon la revendication 1 ou la revendication 2 et notamment les séquence SEQ ID NO:3-24, les séquences nucléiques complémentaires et les séquences inverses complémentaires des séquences précédentes ainsi que les fragments issus des régions codantes des séquences précédentes correspondant à un cadre glissant supérieur ou égal à 14 nucléotides ou leurs séquences complémentaires.

4°) Transcrits, caractérisé en ce qu'ils sont générés à partir des séquences selon l'une quelconque des revendications 1 à 3.

5°) Réactif de diagnostic pour la détection différentielle de séquences nucléiques endogènes humaines complètes ou partielles, présentant des motifs rétroviraux, sélectionnés parmi les séquences SEQ ID NO:1 et/ou SEQ ID NO:2, caractérisé en ce qu'il est sélectionné dans le groupe constitué par les séquences SEQ ID NO:1-50, les séquences nucléiques complémentaires et les séquences inverses complémentaires des séquences précédentes, par les fragments nucléotidiques capables de définir ou d'identifier les séquences SEQ ID NO:1 et/ou SEQ ID NO:2 et

toute séquence flanquante ou les chevauchants ainsi que par les fragments issus des régions codantes des séquences SEQ ID NO:1-24, correspondant à un cadre glissant supérieur ou égal à 14 nucléotides ou leurs séquences complémentaires, éventuellement marquées avec un marqueur approprié.

5 6°) Réactif selon la revendication 5, caractérisé en ce qu'il est choisi dans les régions situées entre les nucléotides 3065 et 4390 et les nucléotides 6965 et 9550 de la SEQ ID NO:3.

 7°) Réactif selon la revendication 5, caractérisé en ce qu'il est sélectionné parmi les séquences SEQ ID NO:30-50 et en ce qu'il est apte à être utilisé
10 comme amorce.

 8°) Réactif selon la revendication 5, caractérisé en ce qu'il est sélectionné parmi les séquences suivantes :

 - un fragment de 1505 nt amplifié par le couple d'amorces SEQ ID NO:30 et SEQ ID NO:31 (amorces G1F et G1R),
15 - un fragment de 2529 nt amplifié par le couple d'amorces SEQ ID NO:38 et SEQ ID NO:39 (amorces E1F et E1R) et en ce qu'il est apte à être utilisé comme sonde.

 9°) Procédé de détection rapide et différentiel des séquences nucléiques rétrovirales endogènes de type *env* ou *env* et *gag*, de leurs variants
20 normaux ou pathologiques, par hybridation et/ou amplification génique, réalisé à partir d'un échantillon biologique, lequel procédé est caractérisé en ce qu'il comprend :

 (a) une étape dans laquelle l'on met en contact un échantillon biologique à analyser avec au moins une sonde selon la revendication 5, la revendication 6 ou la revendication 8 et

25 (b) une étape dans laquelle on détecte par tout moyen approprié le ou les produits résultants de l'interaction séquence nucléotidique-sonde.

 10°) Procédé de détection selon la revendication 9, caractérisé en ce qu'il comprend :

 * préalablement à l'étape (a) :
30 . une étape de préparation du tissu ou du liquide biologique concerné,

. une étape d'extraction de l'acide nucléique à détecter, et
. au moins un cycle d'amplification génique mis en œuvre à l'aide
d'au moins un réactif selon l'une quelconque des revendications 5 à 7 et

* postérieurement à l'étape (b) :

5 . une étape de comparaison des séquences nucléiques obtenues dans
ledit échantillon biologique avec les séquences rétrovirales endogènes humaines selon
l'une quelconque des revendications 1 à 3, par tout moyen approprié et notamment par
séquençage, Southern-blot, coupure de restriction, SSCP ou toute autre méthode
permettant d'identifier une insertion ou une délétion ou encore une simple mutation
10 entre les différentes séquences comparées.

11°) Procédé de détection des transcrits selon la revendication 4,
caractérisé en ce qu'il comprend :

- le prélèvement des ARN messagers provenant de tissus témoins et
de tissus prélevé chez des patients et

15 - l'analyse qualitative et/ou quantitative desdits ARNm, par hybri-
dation *in situ*, par dot-blot, Northern-blot, RNase mapping ou RT-PCR, à l'aide d'un
réactif de diagnostic selon l'une quelconque des revendications 5 à 8.

12°) Produits de traduction, caractérisés en ce qu'ils sont codés par
une séquence nucléotidique selon l'une quelconque des revendications 1 à 3.

20 13°) Peptide, caractérisé en ce qu'il est susceptible d'être exprimé à
l'aide d'une séquence nucléotidique sélectionnée dans le groupe constitué par les
séquences SEQ ID NO:1-24 selon l'une quelconque des revendications 1 à 3; selon les
combinaisons offertes par l'usage des différents cadres de lecture possibles.

25 14°) Peptide selon la revendication 13, caractérisé en ce qu'il
englobe les peptides dérivés comprenant entre 5 et 540 aminoacides.

15°) Peptide selon la revendication 13 ou la revendication 14,
caractérisé en ce qu'il est sélectionné parmi les séquences SEQ ID NO :25-29 et la
séquence SEQ ID NO :51.

30 16°) Peptide selon l'une quelconque des revendications 13 à 15,
caractérisé en ce qu'il est obtenu à partir des séquences nucléiques selon l'une
quelconque des revendications 1 à 3, dans lesquelles au moins un codon non-sens peut

être remplacé par un codon codant pour l'un des aminoacides suivants : Phe (F), Leu (L), Ser (S), Tyr (Y), Cys (C), Trp (W), Gln (Q), Arg (R), Lys (K), Glu (E) ou Gly (G).

5 17°) Anticorps, caractérisé en ce qu'il est dirigé contre l'un ou plusieurs des peptides selon l'une quelconque des revendications 13 à 16.

18°) Procédé de dépistage immunologique différentiel de séquences rétrovirales endogènes humaines de la famille HERV-7q normales ou pathologiques, caractérisé en ce qu'il comprend la mise en contact d'un échantillon biologique avec un anticorps selon la revendication 17, la lecture du résultat étant révélée par un
10 moyen approprié, notamment EIA, ELISA, RIA, fluorescence.

19°) Procédé d'identification et de détection de motifs rétroviraux endogènes, anormalement exprimés dans le cadre de pathologies associées au cancer, ou de neuropathologies en particulier autoimmunes, au premier rang desquelles la sclérose en plaques, caractérisé en ce qu'il comprend l'analyse comparée des séquences
15 extraites d'un échantillon biologique avec les séquences selon l'une quelconque des revendications 12 à 16.

20°) Application des séquences selon l'une quelconque des revendications 1 à 6 ou 12 à 16 au diagnostic, au pronostic, à l'évaluation de la susceptibilité génétique, à toutes maladies humaines induites, innées ou acquises en particulier
20 celles à composantes cancéreuses, autoimmunes et/ou à incidence neurologique, comme la sclérose en plaques, les syndromes associés et les maladies neurodégénératives où intervient tout ou partie des séquences selon l'une quelconque des revendications 1 à 5 et des formes endogènes ou exogènes apparentées.

21°) Séquences nucléiques hybrides, caractérisées en ce qu'elles
25 comprennent des séquences ou motifs selon l'une quelconque des revendications 1 à 5, combinés avec des séquences ou motifs d'origine endogène ou d'origine ou induits de manière exogène.

22°) Vecteur recombinant de clonage ou d'expression, caractérisé en ce qu'il comprend une séquence nucléique selon l'une quelconque des revendications
30 1 à 4.

REVENDICATIONS

1°) Fragment d'acide nucléique purifié, caractérisé en ce qu'il est constitué par une séquence codant pour une séquence rétrovirale endogène humaine, qui présente au moins des motifs rétroviraux de type *env*, répondant à la séquence
5 SEQ ID NO:1 ou à une séquence présentant un niveau d'homologie avec ladite séquence SEQ ID NO:1 supérieur ou égal à 80% sur plus de 190 nucléotides ou supérieur ou égal à 70% sur plus de 600 nucléotides pour les domaines de type *env*.

2°) Fragment d'acide nucléique selon la revendication 1, caractérisé en ce qu'il présente à la fois de motifs rétroviraux correspondant à un domaine *env* et
10 répondant à la séquence SEQ ID NO:1 et des motifs rétroviraux correspondant à un domaine *gag* et répondant à la séquence SEQ ID NO:2 ou à une séquence présentant un niveau d'homologie supérieur ou égal à 80% sur plus de 190 nucléotides ou supérieur ou égal à 70% sur plus de 600 nucléotides pour les domaines de type *env* et un
15 ou égal à 70% sur plus de 1200 nucléotides pour les domaines de type *gag*, lesquels motifs ne présentent aucune insertion ou délétion supérieure à 200 nucléotides.

3°) Fragment d'acide nucléique, caractérisé en ce qu'il comprend un segment d'une séquence selon la revendication 1 ou la revendication 2 et notamment les séquence SEQ ID NO:3-24, les séquences nucléiques complémentaires et les
20 séquences inverses complémentaires des séquences précédentes ainsi que les fragments issus des régions codantes des séquences précédentes correspondant à un cadre glissant supérieur ou égal à 14 nucléotides ou leurs séquences complémentaires.

4°) Transcrits, caractérisé en ce qu'ils sont générés à partir des séquences selon l'une quelconque des revendications 1 à 3.

25 5°) Réactif de diagnostic pour la détection différentielle de séquences nucléiques endogènes humaines complètes ou partielles, présentant des motifs rétroviraux, sélectionnés parmi les séquences SEQ ID NO:1 et/ou SEQ ID NO:2, caractérisé en ce qu'il est sélectionné dans le groupe constitué par les séquences SEQ ID NO:1-50, les séquences nucléiques complémentaires et les séquences inverses
30 complémentaires des séquences précédentes, par les fragments nucléotidiques capables de définir ou d'identifier les séquences SEQ ID NO:1 et/ou SEQ ID NO:2 et toute séquence flanquante ou les chevauchants ainsi que par les fragments issus des

régions codantes des séquences SEQ ID NO:1-24, correspondant à un cadre glissant supérieur ou égal à 14 nucléotides ou leurs séquences complémentaires, éventuellement marquées avec un marqueur approprié.

6°) Réactif selon la revendication 5, caractérisé en ce qu'il est choisi
5 dans les régions situées entre les nucléotides 3065 et 4390 et les nucléotides 6965 et 9550 de la SEQ ID NO:3.

7°) Réactif selon la revendication 5, caractérisé en ce qu'il est sélectionné parmi les séquences SEQ ID NO:30-50 et en ce qu'il est apte à être utilisé comme amorce.

10 8°) Réactif selon la revendication 5, caractérisé en ce qu'il est sélectionné parmi les séquences suivantes :

- un fragment de 1505 nt amplifié par le couple d'amorces SEQ ID NO:30 et SEQ ID NO:31 (amorces G1F et G1R),

- un fragment de 2529 nt amplifié par le couple d'amorces SEQ ID
15 NO:38 et SEQ ID NO:39 (amorces E1F et E1R) et en ce qu'il est apte à être utilisé comme sonde.

9°) Procédé de détection rapide et différentiel des séquences nucléiques rétrovirales endogènes de type *env* ou *env* et *gag*, de leurs variants normaux ou pathologiques, par hybridation et/ou amplification génique, réalisé à
20 partir d'un échantillon biologique, lequel procédé est caractérisé en ce qu'il comprend :

(a) une étape dans laquelle l'on met en contact un échantillon biologique à analyser avec au moins une sonde selon la revendication 5, la revendication 6 ou la revendication 8 et

25 (b) une étape dans laquelle on détecte par tout moyen approprié le ou les produits résultants de l'interaction séquence nucléotidique-sonde.

10°) Procédé de détection selon la revendication 9, caractérisé en ce qu'il comprend :

* préalablement à l'étape (a) :

30 . une étape de préparation du tissu ou du liquide biologique concerné,

. une étape d'extraction de l'acide nucléique à détecter, et

au moins un cycle d'amplification génique mis en œuvre à l'aide d'au moins un réactif selon l'une quelconque des revendications 5 à 7 et

* postérieurement à l'étape (b) :

une étape de comparaison des séquences nucléiques obtenues dans ledit échantillon biologique avec les séquences rétrovirales endogènes humaines selon l'une quelconque des revendications 1 à 3, par tout moyen approprié et notamment par séquençage, Southern-blot, coupure de restriction, SSCP ou toute autre méthode permettant d'identifier une insertion ou une délétion ou encore une simple mutation entre les différentes séquences comparées.

11°) Procédé de détection des transcrits selon la revendication 4, caractérisé en ce qu'il comprend :

- le prélèvement des ARN messagers provenant de tissus témoins et de tissus prélevé chez des patients et

- l'analyse qualitative et/ou quantitative desdits ARNm, par hybridation *in situ*, par dot-blot, Northern-blot, RNase mapping ou RT-PCR, à l'aide d'un réactif de diagnostic selon l'une quelconque des revendications 5 à 8.

12°) Produits de traduction, caractérisés en ce qu'ils sont codés par une séquence nucléotidique selon l'une quelconque des revendications 1 à 3.

13°) Peptide, caractérisé en ce qu'il est susceptible d'être exprimé à l'aide d'une séquence nucléotidique sélectionnée dans le groupe constitué par les séquences SEQ ID NO:1-24 selon l'une quelconque des revendications 1 à 3, selon les combinaisons offertes par l'usage des différents cadres de lecture possibles.

14°) Peptide selon la revendication 13, caractérisé en ce qu'il est sélectionné parmi les séquences SEQ ID NO :25-29 et la séquence SEQ ID NO :51.

15°) Peptide selon la revendication 13 ou la revendication 14, caractérisé en ce qu'il est obtenu à partir des séquences nucléiques selon l'une quelconque des revendications 1 à 3, dans lesquelles au moins un codon non-sens peut être remplacé par un codon codant pour l'un des acides aminés suivants : Phe (F), Leu (L), Ser (S), Tyr (Y), Cys (C), Trp (W), Gln (Q), Arg (R), Lys (K), Glu (E) ou Gly (G).

16°) Anticorps, caractérisé en ce qu'il est dirigé contre l'un ou plusieurs des peptides selon l'une quelconque des revendications 13 à 15.

17°) Procédé de dépistage immunologique différentiel de séquences rétrovirales endogènes humaines de la famille HERV-7q normales ou pathologiques, caractérisé en ce qu'il comprend la mise en contact d'un échantillon biologique avec un anticorps selon la revendication 16, la lecture du résultat étant révélée par un
5 moyen approprié, notamment EIA, ELISA, RIA, fluorescence.

18°) Procédé d'identification et de détection de motifs rétroviraux endogènes, anormalement exprimés dans le cadre de pathologies associées au cancer, ou de neuropathologies en particulier autoimmunes, au premier rang desquelles la sclérose en plaques, caractérisé en ce qu'il comprend l'analyse comparée des
10 séquences extraites d'un échantillon biologique avec les séquences selon l'une quelconque des revendications 12 à 15.

19°) Application des séquences selon l'une quelconque des revendications 1 à 6 ou 12 à 15 au diagnostic, au pronostic, à l'évaluation de la susceptibilité génétique, à toutes maladies humaines induites, innées ou acquises en particulier
15 celles à composantes cancéreuses, autoimmunes et/ou à incidence neurologique, comme la sclérose en plaques, les syndromes associés et les maladies neurodégénératives où intervient tout ou partie des séquences selon l'une quelconque des revendications 1 à 5 et des formes endogènes ou exogènes apparentées.

20°) Séquences nucléiques hybrides, caractérisées en ce qu'elles
20 comprennent des séquences ou motifs selon l'une quelconque des revendications 1 à 5, combinés avec des séquences ou motifs d'origine endogène ou d'origine ou induits de manière exogène.

21°) Vecteur recombinant de clonage ou d'expression, caractérisé en ce qu'il comprend une séquence nucléique selon l'une quelconque des revendications
25 1 à 4.

CCCTGGGGCGGGCTTCCTTTCTGGGATGAGGGCAAAACGCCTGGAGATACAGCAATTATCTTGCAACTGAG	71	
AGACAGGACTAGCTGGATTTCCTAGGCCGACTAAGAATCCCTAAGCCTAGCTGGGAAGGTGACCACGTCCAC	143	
CTTTAAACACGGGGCTTGAACCTTAGCTCACACCTGACCAATCAGAGAGCTCACTAAAATGCTAATTAGGCA	215	
AAGACAGGAGGTAAAGAAATAGCCAAATCATCTATTGCCTGAGAGCAGCAGGAGGACAACAATCGGGATA	287	
TAAACCCAGGCATTTCGAGCTGGCAACAGCAGCCCCCTTTGGGTCCCTTCCCTTTGTATGGGAGCTGTTTTT	359	
ATGCTATTTCTACTCTATTAAATCTTGCAACTGCCTCTTCTGGTCCATGTTTCTTACGGCTCGAGCTGAGCT	431	
TTTGCTCACCCGTCACCACTGCTGTTTGCCACCACGCGAGACCTGCGCTGACTCCCATCCCTCTGGATCCT	503	
GCAGGGTGTCCGCTGTGCTCCTGATCCAGCGAGGCGCCCATTTGCCGCTCCCAATTGGGCTAAAGGCTTGCCA	575	
TTGTTCTGTCAGGGCTAAGTGCTTGGGTTTGTCTTAATTGAGCTGAACACTAGTCACTGGGTTCCTATGGTTC	647	
TCTTCTGTGACCCACGGCTTCTAATAGAACTATAACACTTACCACATGGCCCAAGATTCCATTCTTGAAT	719	
CCGTGAGGCCAAGAATCCAGGTCAGAGAATACGAGGCTTGCCACCATCTTGGAAGCGGCTGCTACCATCT	791	
TGGAAGTGGTTCACCACCATCTTTGGGAGCTCTGTGAGCAGGACCCCGGTAACATTTTGCAACACCAGAA	863	
CGGACATCCAAAGTGGTGAATAATTGGACCACTTTCATTGCTATTCTGTCTATCCTTCTTAGAATTG	935	
GAGGAAAATACCGGGGACTTTGCGGCCAGTTAAAAACGATTAGTGTGGCCACCGGACTTAAGACTCAGGTGT	1007	
GAGGCTATCTGGGGAAGGGCTTCTAACAACCCCCAACCCCTTCTGGGTTGGGGACTTGGTTGCTCAAGCC	1079	
AGCTTCCACTTTAGTTTTCTTTGGGGAAGCCGAGGGCCGACTAGAGGCAGAAAGCTGTCGCTCTGAACCTCC	1151	
GGCAGTAGCCGCTTATGAGTCTGCGCTGAGCAGAGTCTCAACAGTGCCTCATGCACCCCTATCTTTT	1223	
CTTCTGACCCATACCTCCTGGGTCCCAACCACTTTCTTCAAAGTGTAGCCCCAAAATTCTCTTACCTC	1295	
TGAATACTTCTCTGATCCCTGCCTCTAGGTACTATTGGTTCAGACTTCCATTCTCTTAGCAAGTTGT	1367	
ATCTCCAAAGGGATCTAAGGAAGCTTGCCTGCTGCTTACGACCTTAGGCTATAACCCAGGGAGTCTTAT	1439	
CCCTGGTGTCCCTCCCAATTTAGGCATACAGCTCTTGACATGGGCAGTTATGTAGGACCCACTCCCCACCAC	1511	
CCTTGCCAGGGCCCCAAGTTTGTAAATGGCTGAGGGAAGAGAGACAGAGGAGAGAGAGAAATGGAGGA	1583	
GAAAGAGAGAGAGACAGAGAGAGAGAGACAGTGAAGAGACAGAAAGAGAGAGAGACAAAGAGGAGAG	1655	
AGAGAGAGTCAAAGAGAGAAAGAAAGAAAGAAATAGTAAAAACAGTGTGCCCTATTCTTTAAAGGCCA	1727	
GGGTAAATTTAAACCTGTACTTGATAATTGAAGGTCTTCTCTGTGACCCCTATAGCACTCCAATCCACTTTG	1799	
TGGTCAGTGTAAATAAGAGCATAGGCGAAAGCACTGAGGCAATGTGACACCCCTAGCTTCCCTATCAAAA	1871	
TCCTTAACCCAGTAACCCGAGATGGACCAATGCATTAGTCCGTAGCGCAACTGCTTTGCTAAAGTAGA	1943	
AAAGTAACTTTLAGAGGAAACCTCATTGTGAGCACACCTCACCTGTTTCAAGATTATTCTAATAAAAAAGCA	2015	
AAAAGGTAGCTTACTTAACCTCAAAAATCTTAAAGTATGGGGCTATTGTAAGAAAAGGTAAATGTAACCTCA	2087	
ACCACTGATAATTCCCTTAACCCAGCAGATTTCTAACGGGATTAAATCTTAATTACCATACAAAGGTCCG	2159	
ACCAGACCTAGGCGGAACCTCCCTTCAGGACAGGACGATAGATGGTTCCTCCAGGTGATTGAGGAAAAAAC	2231	
CACAATGGGTATTTCAGTAATTGATACGGGACTCTTGTGGAGCAGAGTTAGAAAAATTCCTTAATAACTGG	2303	
TCTCTCAACAGTGTGAGCTGTTGCACTCAGCCAAGCCTTAAAGTACTTACAGAATCAAAGACTATCTCA	2375	
ATCCTGATTCAAAGGTTAGCTACACCCTCTCTGTAATGCATTGTCATAAGAACTTGTATTGGAATGCAT	2447	
CTTGATGGGGCAGCTGGGTTGTTTATAAAATAGGAACCCAGCTCTAGGACTCACCCCTGAGCGCAAAAG	2519	
GCAATGTTGGGCATGCTGGTAAAGGACCACTAGAATCCAGCAGCCAGACCCCTTCTTTGTGGTCAAGAAA	2591	
GGCGGGAAAAGGGGTGACGAGCTGTACATCGGTAAGCATAACTAATCCGATAAACAGAGGTCCATGGGTGG	2663	
TTACGCACCCCTGGAAAGGAACTCACCCCTGAGCACAAGGCAATGTTGGGCACGCTGGTAAAGGACCACTAG	2735	
AATCCAGCAGCTTGACCCCTTCTTTGTGGTCAAGAGAGGCAGGAAAACAGGTGCAGGACTGCAACATCAG	2807	
TGAGCATAACTAATTCGATAAGCAGAGGTCCATGGGTGGTGTGACCCCTGGAAAGAAATAGCATTAGGACC	2879	
ATAGAGGACACTCCAGGACTAAAGCTCATCGGAAATGACTAGGGTTGCTGGCATCCCTATGTTCTTTTTT	2951	
AGATGGGAAACGTTCCCGCAAGACAAAACGCCCTAAGACGTATTCTGGAGAATTGGGACCAATTTGACC	3023	
CTCAGACACTAAGAAAGAAACGACTTATATTCTTCTGCACTGCGCCTGGCACTCTTGAGGGAAGTATAAAT	3095	
TATAACACCATCTTACAGCTAGACCTCTTTTGTAGAAAAGGCAAAATGGAGTGAAGTGCCATAAGTACAAACT	3167	
TTCTTTTTCATTAAAGAGACAACCTCACAAATTATGTAAAAAGTGTGATTATGCCCCACAGGAAGCCTTCAGAGT	3239	
CTACCTCCCTATCCAGCATCCCCGACTCCTTCCCCAACTAATAAGGACCCCTTCAACCCAAATGGTCCA	3311	
AAAGGAGATAGACAAAAGGGTAAACAGTGAACCAAGAGTGCCAATATTCCCCAATTATGACCCCTCCAAGC	3383	
AGTGGGAGGAGAGAAATTCGGCCCAAGCCAGTGCATGTGCTTTTCTCTCCAGACTTAAAGCAAAATAAA	3455	
AACAGACTTAGGTAAATTTTCAGATAACCCCTGATGGCTATATTGATGTTTACAAGGGTTAGGACAATTCTT	3527	
TGATCTGACATGGAGAGATAAATGTCACTGCTAAATCAGACACTAACCCCAATGAGAGAAAGTGCACCAT	3599	
AACTGCGCTGAGAGTTTGGCATCTCTGGTATCTCAGTCAAGTCAATGATAGGATGACAAACAGAGGAAAG	3671	
AGAATGATTCCCCACAGGCCAGCAGGAGTCCAGTCTAGACCCCTCATTGGGACACAGAATCAGAATATGG	3743	
AGATTGGTGTGTCAGACATTGCTAATCTGTGTGCTAGAAGGACTAAGGAAACTAGGAAGAAGTCTATGAA	3815	
TTACTCAATGATGTCCACCATAAACACAGGGAAGGGAAGAAAATCCTACTGCCTTTCTGGAGAGACTAAGGGA	3887	
GGCATTGAGGAAGCGTGCCTCTCTGTCACTGACTCTTCTGAAGGCCAACTAATCTTAAAGCGTAAGTTTAT	3959	
CACTCAGTCACTGTCAGACATTAGAAAAAACTTCAAAGTCTGCCGTAGGCCCGGAGCAAACTTAGAAAC	4031	
CCTATTGAACCTTGCAACCTCGGTTTTTTATAATAGAGATCAGGAGGAGCAGGCGGAACAGGACAAACGGGA	4103	
TTAAAAAAGGCCACCGCTTAGTCAATGACCCTCAGGCAAGTGACTTTGGAGGCTCTGAAAAAGGGAAAA	4175	
GCTGGGCAAAATTGAATGCCATAATAGGGCTTGCTTCCAGTGCCGTCTACAAGGACACTTAAAAAAGATTGTC	4247	
CAAGTAGAAGTAAGCCGCCCTCTGTCATGCCCTTATTTCAGGGGAATCACTGGAAGGCCCACTGCCCA	4319	
GGGACAAAGGTCCTCTGAGTCAGAAGCCACTAACAGATGATCCAGCAGCAGGACTGAGGGTGCTTGGGGC	4391	
AAGCGCCATCCCATGCCATCACCCCTCACAGAGCCCTGGGTATGCTTGACCATTTAGGGGCCAGGAGTTGCT	4463	
CCTGGACACTGGTGGGCTTCTTAGTCTTACTCTTCTGTCCGGACAACCTGTCTCCAGATCTGTCACTAT	4535	
CTGAGGGGCTCCTAAGACGGGCAGTCACTAGATACTTCTCCAGCCACTAAGTTATGACTGGGGAGCTTTAT	4607	
TCTTTTTCAGTCTTTTCTAATTATGCTTGAAGGCCCACTACCTTGTAGGAGAGACATTCTAGCAAAAG	4679	
CAGGGGCCATTATACACCTGAACATAGGAGAAGGAACACCCGTTTGTGTCCCTGCTTGAGGAAGGAATTA	4751	
ATCTTGAAGTCTGGGCAACAGAGGACAATATGGACGAGCAAGAAATGCCGCTCTGTTCAAGTTAAACTAA	4823	
AGGATTCCACCTCTTTTCCCTACCAAGGCAAGTACCCCTCAGACCCCAAGGCCCAACAGGACTCCAAAAGA	4895	
TTGTTAAGGACCTAAAGGCCAAGGCTTAGTAAAACCATGCAAGTACCCCTGCAGTACTCCAATTTTAGGAG	4967	
TACAGAAACCAACAGACAGTGGAGGTTTAGTGAAGATCTCAGGATTATCAATGAGGCTGTTGTCTCTAT	5039	
AGCCAGCTTCACTAGCCCTTATCTCTTCCCAATACAGAGGAAGCAGAGTGGTTTACAGTCCCTGG	5111	
ACCTTCAGGATGCCTTCTCTGCTATCCCTGTACATCTGACTCTCAATTCTTGTGCTTTGAAGATACTT	5183	

région
répétée
R1

régions
répétées
en tandem
R2

domaine
gag

domaine
pol

FIGURE 1.1

CAAACCCAACTCTCAACTCACCTGGACTATTTTACCCCAAGGGTTCAGGGATAGTCCCCATCTATTTGGCC	5255
AGGCATTAGCCCAAGACTTGAGCCAATCTCTACCTGGACACTTGCTCTCGGTAGGTGGATGATTTACTT	5327
TTGGCCGCCCATTCAGAAACCTTTGTGCCATCAAGCCACCAAGCGCTCTCAATTTCTCGCTACCTGTGGC	5399
TACATGGTTTCCAAACCAAGGCTCAACTCTGCTCAGCAGGTTACTTAGGGCTAAATATATCCAAAGGCA	5471
CCAGGGCCCTCAGTGAGGAACACATCCAGCCTATACTGGCTTATCTCTATCCCAAAACCTAAAGCAACTAA	5543
GGGGATTCTTTGGCGTAATAGGTTTCTGCCGAAATGGATTCCAGGTATGGCGAAATAGCCAGGTCATTAA	5615
ATACACTAATTAAGGAACTCAGAAAGCCAATACCATTAGTAAGATGGCAACTGAAGTAGAAGTGGCTT	5687
TCCAGGCCCTAACCCAAAGCCCCAGTGTTAAGTTTGGCAACAGGGCAAGACTTTTCTCATATGTCACAGAAA	5759
AAACAGGAATAGCTCTAGGAGTCTTACACAGATCCGAGGGATGAGCTTGCAACCTGTGGCATACTGACTA	5831
AGGAAATTGATGTAGTGGCAAAGGTTGACCTCATTTGTTACGGGTAGTGGTGGCAGTAGCAGCTCTTAGTAT	5903
CTGAAGCAGTTAAAATAATACAGGGAAGAGATCTTACTGTGTGGACATCTCATGATGTGAATGGCATACTCA	5975
CTGCTAAAGGAGACTTTGGCTGTGAGCAACTCTTAACCCAGCCACATTTCTCCAGCAATGAAGAAAGATAAAAC	6047
TGCTGCACTGTGCACTTGTGCAACTCTTAACCCAGCCACATTTCTCCAGCAATGAAGAAAGATAAAAC	6119
ATAACTGTCAACAAGTAATTTCTCAAACCTATGCCACTCGAGGGGACCTTTTAGAGGTTCCTTTGACTGATC	6191
CCGACCTCAACTTGTATACTGATGGAAGTTCCTTTGTAGAAAAGGACTTCGAAAAGTGGGGTATGCAGTGG	6263
TCAGTGATAATGGAATACTTGAAGTAATCCCTCACTCAGGAAGTGTGCTCAGTAGCAGAACTAATAG	6335
CCCTCACTTGGGCACTAGAATTAGGAGAAGAAAAAGGGCAATATATATACAGACTCTAAATATGCTTACC	6407
TAGTCTCCATGCCCATGCAGCAATATGGAAGAAAGGGAATTCCTAACTTCTGAGAGAACCTATCAAAC	6479
ATCAGGAAGCCATTAGGAAATTTATTATTTGGCTGTACAGAACTTAAAGAGGTGGCAGTCTTACACTGCCGGG	6551
GTCATCAGAAAGGAAAGGAAAGGGAATAGAAGAGAAGTCCCAAGCAGATATTGAAGCCAAAGAGCTGCAA	6623
GGCAGGACCTCCATTAGAAATGCTTATAAAACAACCCCTAGTATAGGGTAATCCCTCCGGGAAACCAAGC	6695
ACTGAAGAAGGGAATACTTTTGGCTGCAACTATCCAATGGAAATTAATAAACCTTCACTAAACCTTT	6767
CACTTAGGCATCGATAGCACCCTCAGATGGCCAAATCATTATTACTTGACAGGCGCTTTTCAAACTATC	6839
AAGCAGATAGTCAGGCGCTGTGAAGTGTGCCAGAGAATAATCCCTGCCTTATCGCAAGCTCCTTCAGGA	6911
GAACAAGAACAGGCCATTACCTGGAGAAGACTGGCACTGATTTTACCCACAAGCCCAACCTCAGGGAT	6983
TTAGTATCTACTAGTCTGGGTAGATACTTTACGGGTGGGAGAGGCTTCCCTGTAGGACAGAAAAGG	7055
CCCAAGAGTAATAAAGGCACTAGTTTATGAATAATTTCCAGATTCGGACTTCCCGAGGCTTACAGAGTG	7127
ACAATAGCCCTGCTTTCCAGGCCACAGTAACCCAGGGAGTATCCAGGCGTTAGGTATACGATACCTTAC	7199
ACTGCGCCTGAAGGCCACAGTCTCAGGGAAGGTCGAGAAAATGAATGAACACTCAAAGGACATCTAAAAA	7271
AGCAAAACCCAGGAAACCCACCTCAGATGGCCTGCTCTGTTGCCATAGCCTTAAAAAGAAATCTGCACTTTC	7343
CCCAAAAGCAGGACTTAGCCCATACGAAATGCTGTATGGAAGGCCCTTCATAACCAATGACCTTGTGCTTG	7415
ACCCAAGACAGCCAACCTTAGTTGCAGACATCACCTCCTTAGCCAAATATCAACAAGTTCTTAAACATTACA	7487
AGGAACCTATCCCTGAGAAGAGGGAAGAAAGAACTATCCACCTTGTGACATGGTATTAGTCAAGTCCCTTCC	7559
CTCTAATCCCATATCCCTAGATACATCTGGGAAGGACCTTACCCAGTCAATTTATCTACCCCACTGCGGT	7631
TAAAGTGGCTGGAGTCTTGGATACATCACACTTGAGTCAAACTCCTGGATAGTCCCAAGGAACCTGA	7703
AAATCCAGGAGACACGCTAGCTATTTCTGTGAACCTCTAGAGGATTTGCGCCTGCTCTTCAAACAACAACC	7775
AGGAGGAAAGTAATAAATCATAAATCCCATGGCCCTCCCTTATCATATTTTCTCTTACTGTTCTTTT	7847
ACCCCTTTCACTCTCAGTGCACCCCTCCATGGCGCTGTATGACCAGTAGCTCCCTTACCAAGAGTTTCT	7919
ATGGAGAAATGCAGCGTCCCGGAAATATTGATGCCCATCGTATAGGAGTCTTTCTAAGGGAACCCCACTT	7991
CAGTCCCAACACCCATATGCCCGCAACTGCTATCACTCTGCCACTCTTTGCATGCATGCAAACTACTCATT	8063
TTGGACAGGAAATAATGATTAACTAGTTGTCTGGAGGACTGGAGTCACTGCTGTTGGACTTACTTCACT	8135
CCAACTGGTATGTCTGATGGGGTGGAGTTCAAGATCAGGCAAGGAGAAAACATGTAAAGAAAGTAATCTC	8207
CCAACCTACCCCGGTACATGGCAGCTCTAGCCCTACAAAGGACTAGATCTCTCAAACCTACATGAAACCT	8279
CCGTACCCATCTCGCCTGGTAAGCCTATTTAATACCACCTCAGTGGCTCCATGAGGTCTCGGCCCAAAA	8351
CCCTACTAAGTCTTGGATATGCTTCCCTGCACTTACGCGCATATGTTTCAATCCCTGTACCTGAACAATG	8423
GAACAACCTCAGCACAGAAATAAACACCACTTCCGTTTGTAGTAGGACCTCTTGTTCCTTCTGGAATAAC	8495
CCATACCTCAAACCTCAGCTGTGTAATAATTTAGCAATCTACATACACAACCAACTCCCAATGCATCAGGTG	8567
GGTAACCTCTCCACACAAATAGTCTGCTACCTCAGGAATATTTTTGTCTGTGGTACCTCAGCCTATCG	8639
TTGTTTGAATGGCTCTTCAGAACTATGTGCTTCTCTTCTAGTGGCCCTATGACCATCTACACTGA	8711
ACAAGATTTATACAGTTATGTATATCTAAGCCCGCAACAAAGAGTACCCATTCTTCTTTTGTATAGG	8783
AGCAGGAGTGTAGGTGCACTAGGTACTGGCATTTGGCGGTATGCAACCTCTACTCAGTTCTACTACAACT	8855
CTTAGCAGCAGTAGTCTTCAAAATCGAAGAGCTTTAGACTTGTCAACCGCTGAAAGAGGGGGAACCTGTTT	8927
ATTTTATAGGGGAAGATGCTGTTATTATGTTAATCAATCCGGAATCGTCACTGAGAAAGTTAAAGAAATTCG	8999
AGATCGAATACAACCTAGAGCAGAGGAGCTTCGAAACACTGGACCCTGGGGCTCTCAGCCCAATGGATGCC	9071
CTGGATTCTCCCTTTCTAGGACCTCTAGCAGCTATAATATTGCTACTCTCTTTGGACCTGTATCTTTAA	9143
CCTCCTTGTTAACTTTGTCTCTTCCAGAATCGAAGCTGTAAACTACAAATGGAGCCCAAGATGCAGTCCAA	9215
GACTAAGATCTACCGCAGACCCCTGGACCGGCTGCTAGCCCAAGATCTGATGTTAATGACATCAAAGGCAC	9287
CCCTCCTGAGGAAATCTCAGCTGCACAACCTCTACTAGCCCCAATTCAGCAGGAAGCAGTTAGAGCGGTC	9359
TCGGCCAACCTCCCAACAGCACTTAGGTTTTCTGTTGAGATGGGGGACTGAGAGACAGGACTAGCTGGAT	9431
TTCTTAGGCTGACTAAGAATCCCTAAGCCTAGCTGGGAAGGTGACCAATCCACCTTTAAACACGGGGCTTG	9503
CAACTTAGCTCACACCTGACCAATCAGAGAGCTCACTAAATGCTAATTAGGCAAGACAGGAGGTAAGAA	9575
ATAGCCAATCATCTATTGCTGAGAGCACAGCAGGAGGGAATGATCGGGATATAACCCCAAGTCTTCGAG	9647
CCGGCAACGGCAACCCCTTTGGGTCCCTCCCTTTGTATGGGAGCTCTGTTTTCATGCTATTTCACTCTAT	9719
TAAATCTTGCACCTGCACTCTTCTGGTCCATGTTTCTACGGCTGTAGCTGAGCTTTTCGCTCGCCATCCACC	9791
ACTGCTGTTTGGCGCCACCGCAGACCCGCGCTGACTCCCATCCCTCTGGATCATGAGGCTTCCGCTGTG	9863
CTCCTGATCCAGCGAGGACCCCATTGGCGCTCCCAATCGGGCTAAAGGCTTGCCATTGTTCTGCTGACCCACAG	9935
AGTGCCTGGTTTCATCTAATTTAGCTGAACACTAGTCACTGAGGTTCCATGGTTCTTCTGTGACCCACAG	10007
CTTCTAATAGAGCTATAACACTCACCGCATGGCCCAAGGTTCCATTCTTGAATCCATAAGGCCAAGAACCC	10079
CAGGTGAGAAACACGAGGCTTGCCACCATCTTGGGAGCTCTGTGAGCAAGGACCCCAAGTAACACAAACA	10151
TGAGGGTGCAAAATGCATGGGCCACTAATGTTAGAGCAAGAAACAGAAAGGCGCTGGTTCCTCGAAGGCATC	10223
AGTGAGCTGAAATGCCTGCCCTGGATGTCCTATTCTAGGTGTTTTCTGCCTGAAGCAGATTAAACCTTT	10295
GTTCACTTCTCCAAGTAGGGCTTCTATTACAGCCCAATCAATCCCAACCCAGATGACAT	10367
	10439
	10500

domaine

env

région

répétée

R1

FIGURE 1.2

3/15

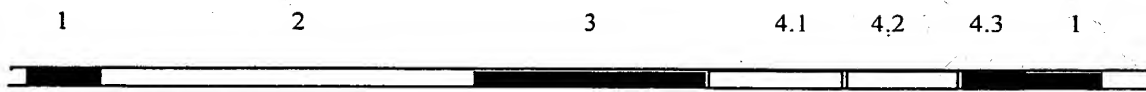


FIGURE 2

CONFIDENTIAL DE LA PROPRIETE INTELECTUELLE

FIGURE 3

IPMALPYHIFLFTVLLPSFTLTAPPPCRCMTSSSPYQEFLWRMQRPGNIDAPSYRSLSKG
 TPTFTAHTHMPRNCYHSATLCMHANTHYWTGKMINPSCPGGLGVTVCWYFTQTGMSDGG
 GVQDQAREKHVKEVISQLTRVHGTSSPYKGLDLSKLHETLRTHRLVSLFNTTLTGLHEV
 SAQNPTNCWICLPLNFRPYVSI PVPEQWNNFSTEINTTSVLVGPLVSNLEITHTSNLTCV
 KFSNTTYTTNSQCIRWVTPPTQIVCLPSGIFFVCGTSAYRCLNGSSSMCFLSFLVPPMT
IYTEQDLYSYVISKPRNKRVPILPFVIGAGVLGALGTGIGGITTSTQFYKLSQELNGDM
ERVADSLVTLQDQLNSLAAVVLQNRRAIDLLTAERGCTCLFLGEECCYYVNQSGIVTEKVKEIRDRIQRR
AEELRNTGFWGLLSQWMPWILPFLGPLAAIILLLLFGPCIFNLLVNFVSSRIEAVKLQMEPKMQSKTKIY
RRPLDRPASPRSDVNDIKGTPPEEISAAQPLLRPNSAGSS

FIGURE 4

- 1) NSLAAVVLQNRRAIDLLTAESGGTFLFLEEK
- 2) NSLAAVVLQNRRAIDLLTAERGCTCLFLGEEC
- 3) DSLAAVTLQNHQGLDLLTAEGKGLCYFLGEDC
- 4) DSLAAVTLQNHQGLDLLIAEKGLCTFLGEEC
- 5) DSLAAVTLQNCRGLDLLTAEGGHTFLGEEC
- 6) LQNRRLDLLFLKEGGLC
- 7) DSLAKVVLQNRRLDLLTAEQGGICLALQEK

FIGURE 5

TSFVEKANGVKCHKYKLSFHXETTHNYVKSVIYALQEAFRVLPILPASPTPSPTNKDPPSTQMVQKEIDKRVNS
 EPKSANIPQLXPLQAVGGREFGPARVHVPFSLPDLKQIKTDLGKFSDNPDGYIDVLQGLGQFFDLTWRDIMSLN
 QTLTPNERSATITAAXEFGDLWYLSQVNDRTTEEREXFPTGQQAVPSLDPHWDTESEHGDWCCRHLITCVLEGL
 RKTRKSMNYSMSTITQGREENPTAFLERLREALRKRAISLSPDSSEGQLILKRKFITQSAADIRKKLQKSAVGP
 EQNLETLLNLATSVFYNRDQEEQAEQDKRDXXXGHRFSDHPQASGLWRLWKREKLKLNAXXGLLPVRSTRTLXK
 RLSKXXAAPSMSPLISRESLEGPLPQGTKVLXVRSHXPD/SSSRT

FIGURE 6

FIGURE 7

```

01/ TAAATCCCCATGGCCCTCCCTTATCATATTTTTCT
02/ TAAATCCCC-TGGCCCTCCCTTATCATATTTTTCT
03/ TAAATCCCCATGGCCCTCCCTTATCATATTTTTCT
04/ TAGATCCTCATGGCCCTCC-TTGTCATATTTTTTT

01/CTTTACTGTTCTTTTA-CCCTCTTTCCTCTCACTGCACCCCTCCATGCCGCTGTATGACC
02/CTTTACTGTTCTCTTACCCCTTTTCACTCTCACTGCACCCCTCCATGCCACTGCACCCCT
03/CTTTACTGTTCTCTTA-CCCCCTTCTCTCTCACTGCACCCCTCCATGCTGCTGTACAACC
04/CTTTACTGTTCTCTTA-CCCCCTTTCCTCTCACTGAACCCCTCCATGCCACTGTACTACC

01/AGT-----AGCTCCCCTTACCAAGAGTTTCTATGGAGAATGCAGCGT
02/GTCCATGCCCGTCTCATGCCAGTAGCTCCCCTTAGCAAGAGTTTCTATGGAGAATGCAGCGT
03/AGC-----AGCTCCCCTTACCAAGAGTTTCTATGAAGAATGCGGCTT
04/AGT-----AGCTCCCATTACCAAGAGCTTCTATGGACAATGCGGCTT

01/CCCGGAAATATTGATGCCCCATCGTATAGGAGTCTTTCTAAGGGAACCCCTTCACTGC
02/CCCGGAAATATTGATGCCCCATTGTATAGGAGTTTATCTAAGGGAACCCCTTCACTGC
03/CCAGAAATATTGATGCCCCATCAAATAGGAGTTTACCTAAAGGAACTCCACCTTCACTGC
04/CCTGGAAATATTGATGACCCATCGTATAGGAGTTTTCTAAGGGAACCCCTTCACTGC

01/CCACACCCATATGCCCCGCAACTGCTATCACTCTGCCACTCTTGCATGCATGCAAATACTC
02/CCACACCCATATGCCCCACAACCTGCTATAACTCTGCCACTCTTGCATGCATGCAAATACTC
03/CCACACCCATATGCCCCACAACCTGCTATAACTCTGCCACTCTTGCATGCATGCAAATACTC
04/CCACACCTATATGACCC-----

01/ATTATTGGACAGGAAAAATGATTAATCCTAGTTGTCCTGGAGGACTTGGAGTCACTGTCTGT
02/ATTATTGGACAGGAAAAACGATTAATCCCAGTTGTCCTGGAGGACTTGGAG-----
03/ATTATTGGACAGGAAAAATGATTAATCCTAGTTGTCCTGGAAGACTTGGAGCCACTGTCTGT
04/------

01/TGGACTTACTTCACCCAACTGGTATGTCTGATGGGGGTGGAGTTCAAGATCAGGCAAGAGA
02/--GACTCACTTCACTCATACCAGTATGTCTGATGGGGGTGGAGTTCAAGATCAGGCAACAGA
03/CGGACTTACTTCACCCATACTGGTATGTCTGAGGGGGTGGAGTTCAAGATCAGGCAAGAGA
04/------

01/AAAACATGTAAAGAAGTAATCTCCCAACTCACCCGGGTACATGGCACCTCTAGCCCCCTACA
02/AAAACACATAAAGGAAGTAATCTCCCAACTGACCTGGGTACATAGCACCCCTGGCCCCCTACA
03/AAAACATGTAAAGGAAGTAACCTCCCAACTGACCCGGGTACATAGCACCCCTAGCCCCCTACA
04/------

01/AAGGACTAGATCTCTCAAACTACATGAAACCCTCCGTACCCATACTCGCCTGGTAAGCCTA
02/AAGGACTAGATCTCTCAAACTACATGAAACCCTCCATACCCATACTGGCCTGGTAAGCCTA
03/AAGGACTAGATCTCTTAAACTACATGAAACCCTCCATACCCATACTTGCCTGGTAAGCCTA
04/------

01/TTTAATACCACCTCACTGGGCTCCATGAGGTCTCGGCCCAAAACCCTACTAAGTGTGGAT
02/TTTAATACCACCTGACTGGGCTCCATGAGGTCTCGGCCCAAAACCCTACTAAGTGTGGAT
03/TTTAATACCACCTCACTGGGCTCCATGAGGTCTCGGTCCAAAAACCCTACTAAGTGTGGAT
04/------

01/ATGCCTCCCCCTGAACCTCAGGCCATATGTTTCAATCCCTGTACCTGAACAATGGAACAAC
02/GTGCCTCCCCCTGCACCTTAGGCCATACATTTCAATCCCTGTACCTGAACAATGGAACAAC
03/GTGCCTCCCCCTGTATTTAGGCCATGCATTTCAATCCCTGTACCTGAACAATGGAACAAC
04/------TGCACCTCAGGCCATACATTTCAATCCCTGTA-----

```

FIGURE 8.1

```

01/TCAGCACAGAAATAAACACCACTTCCGTTTTAGTAGGACCTCTTGTTTCCAATCTGGAAATA
02/TCAGCACAGAAATAAACACCACTTCTGTTTTAGTAGGTCCTC---TTTCCAATCTGGAAATA
03/ACAGCACAGAAATAAACACCACTTCCGTTTTAGTAGGACCTCTTGTTTCCAATCTGGAAATA
-----

01/ACCCATACCTCAAACCTCACCTGTGTAAAATTTAGCAATACTACATACACAACCAACTCCCA
02/ACCCATACCTCAAACCTCACCTGTGTAAAATTTAGCAATACTATAGACACAGCCAACCTCCCA
03/ACCCATACCTCAAACCTCACCTGTGTAAAATTTAGCAATACTGTAGACACAACCAACTCCCA
04/-----

01/ATGCATCAGGTGGGTAACCTCCACACAAATAGTCTGCCTACCCTCAGGAATATTTTTTG
02/ATGCATCAGGTGGGTAACCTCCACACGAATAGTCTGCCTACCCTCAGGAATATTTTTTG
03/ATGCATCAGGTGGGTAACCTCCACACGAATAGTCTGCCTACCCTCAGGAATATTTTTTG
04/-----

01/TCTGTGGTACCTCAGCCTATCGTTGTTTGAATGGCTCTTCAGAATCTATGTGCTTCCTCTCA
02/TCTGTGGTACCTCAGCCTATCATTGTTTGAATGGCTCTTCAGAATCTGTGTGCTTCCTCTCA
03/TCTGTGGTACCTTAGCCTATCGTTGTTTGAATGGCTCTTCAGAATCTATGTGCTTCCTCTCA
04/-----

01/TTCTTAGTGCCCCCTATGACCATCTACACTGAACAAGATTTATACAGTTATGTCATATCTAA
02/TTCTTAGTGCCCCCTATGCCCATCTACACTGAACAAGATTTATACAATCATGTCATACCTAA
03/TTCTTAGTGCCCCC-ATGACCATTTACACTGAACAAGATTTATACAATTATGTTGTACCTAA
04/-----

01/GCCCCGCAACAAAAGAGTACCCATTCTTCCTTTTGTATAGGAGCAGGAGTGCTAGGTGCAC
02/GCCCCGCAACAAAAGAGTACCCATTCTTCCTTTTGTATTGGAGCAGGAGTGCTAGGCGGAG
03/GCCCCACAACAAAAGAGTACTCATTCTTCCTTTTGTATCGGAGCAGGAGTGCTAGGTGGAC
04/-----

01/TAGGTACTGGCATTGGCGGTATCACAACCTCTACTCAGTTCTACTACAACTATCTCAAGAA
02/TAGGTACTGGCATTGGCGGTATCACAACCTCTACTCAGTTCTACTACAACTGTCTCAAGAA
03/TAGGTTCTGGCATTGGCGGTACCACAACCTCTACTCAGTTCTACTACAACTATCTCAAGAA
04/-----

01/CTAAATGGGGACATGGAACGGGTCGCCGACTCCCTGGTCACCTTGCAAGATCAACTTAACTC
02/CTTAAAGGTGACATGGAATGGGTCGCTGATACCCTGGTCACCTTGCAAGATCAACTTAACTC
03/CTCAATGGTGACATGGAATGGGTTGCCGACTCCCTGGTCACCTTGCAAGATCAACTTAACTT
04/-----

01/CCTAGCAGCAGTAGTCCTTCAAATCGAAGAGCTTTAGACTTGCTAACCCTGAAAGAGGGG
02/CCTAGCAGCAGTAGTCCTTCAAATCGAAGAGCTTTAGACTTGCTAACCCTGAAAGAGGGG
03/CCTAGCATCAGTAGTCCTTCAAATCGAAGAGCTTTAGACTTGCTAACCCTGAAAGAGGGG
04/-----

01/GAACCTGTTTATTTTTAGGGGAAGAATGCTGTTATTATGTT-----
02/GAACCTTTTTATTTTTAGAGGAAAAATGCTGTTGTTATGTT-----
03/GAAGCTGTTTATTTTTAGGGGAAGAATGTTGTTATTATGTTATTTTAGCGGAAGAATGTTGT
04/-----

01/-----AATCAATCCGGAATCGTCACTGAGAAAGTTAAAGAAATTCGAGATCGAATACA
02/-----AATCAATCCGGAATCATCACCAGAAAGTTAAAGAAATTCAGGTGCAATATA
03/TATTATGTTAATCAATCCTGAATTGTACAGAGAAAGTTGAAGAAATTCGAGATTGAATACA
04/-----

01/ACGTAGAGCAGAGGAGCTTCGAAA-CACTGGACCCTGGGGCCTCCTCAGCCAATGGATGCCCT
02/ACGTAGAGCAAAGGAGCTGCAAAA-CACTGGACCCTGGGGCCTCCTCAGCCAATGGATGCCCT
03/ACGTAGAACAGAGGAGCTTCAAAAACACCAGACCCTGGGGCCTCCTCAGCCAATGGATGCCCT
04/-----

```

FIGURE 8.2

9/15

01/GGATTCTCCCCTTCTTAGGACCTCTAGCAGCTATAATATTGCTACTCCTCTTTGGACCCTGTA
02/GGATTCTCCCCTTCTTAGGACCTCTAGCAGCTATAATATTGTTACTCCTCTTTGGACCCTGTA
03/GGATTCTCCCCTTCTTAGGATCTCTAGCAGCTCTAATATTGATACTCCTCTTTGGACCCTGTA
04/-----

01/TCTTTAACCTCCTTGTTAACTTTGTCTCTTCCAGAATCGAAGCTGTAAACTA-----
02/TCTTTAACCTCCTTGTTAAAGTTTGTCTTTTCCAGAATCGAAGCAGTAAACTACAAATCGTTC
03/TCTTTAACCTCCTTGTTAAAGTTTGTCTCTTCCAGAATCAAAGTTGTAAAGCTACAAATCGTTC
04/TCTTTAACCTCCTTGTTAAAGCTTGTCTCTTGCAGAATCGAAGCTGTAAACTACAAATGCTTG

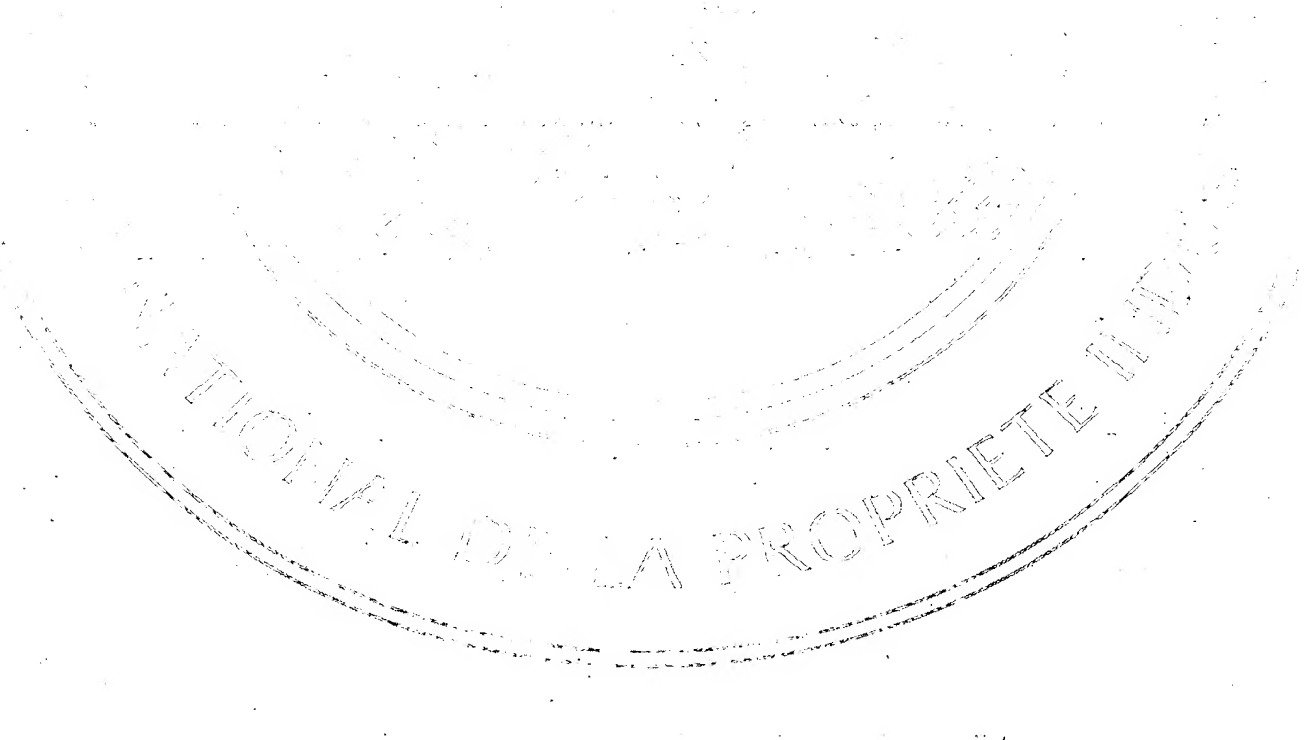
01/--CAAATGGAGCCCCAAGATGCAGTCCAAGACTAAGATCTACCGCAGACCCCTGGACCGGCCTG
02/TTCAAATGGAGCCCCAGATGCAGTCCATGAGTAAAATCTACCACGGACCCCTGGACCGGCCTG
03/TTCAAATGGAACCCAGATGAAGTCCATGACTAAGATCTACCGTGGACCCCTGGACCGGCCTA
04/TTAAAATAGAGCCCCAGATGCAGTCCATGGCTAAGATCTACCACGGACCCCTGGACCGGCCTG

01/CTAGCCCACGATCTGATGTTAATGACATCAAAGGCACCCCTCCTGAGGAAATCTCAGCTGCAC
02/CTAGCCCATGCTCTGATGTTAATGACATCAAAGGCACCCCTCCCAGGAAATCTCAACTGCAC
03/CTAGCCCATGCTCCAATTGTAATGATATCGAACGCACCCCTCCCAGGAAATCTCAACTGCAC
04/CTAGCCCATGCTCTGATGTTGATGACATTGAAGGCACGGCTTCCGAGGAAATCTCAACTGCAC

01/AACCTCTACTACGCCCCAATTCAGCAGGAAGCAGTTAGAGCGGTCGTCGGCCAACCTCCCC
02/AACCTCTACTACGCCCCAATTCAGCAGGAAGCAGTTAGAGTGGTTGTTGGCCAACCTCCCC
03/AACCCCTACTATGCCCCAATTCGCGAGGAAGCAGTTAGACTGGTCGTCAGCCAACCTCCCC

04/GACCCCTACTACACCCCAATTTAGCGGGAAGCAATTAGAGCAGCCTATGGCCACCTCCCC

FIGURE 8.3



CTTCCCCAACTAATAAGGACCCCCCTTTCAACCCAAACAGTCCAAAAGGACATAGACAAAGGA	3
CTTCCCCAACTAATAAGGACCCCCCTTTCAACCCAAACAGTCCAAAAGGACATAGACAAAGGA	4
CTTCCCCAACTAATAAGGACCCCCCTTTCAACCCAAATGGTCCAAAAGGAGATAGACAAAGG	5
CTTCTCCAATAATAAGGACCCCCCTTTCAACCCAAATGGTCCAAAAGGAGATAGACAAAGG	6
CTTCCCCAAATAATAAGAACCCCCCTTTCAACCCAAACGGTCCAAAAGGAGATAGACAAAGG	7
GTAACAATGAACCAAAGAGTGCCAATATTCCCTGGTTATGCACCCTCCAAGCGGTGGGAG--	3
GTAACAATGAACCAAAGAGTGCCAATATTCCCTGGTTATGCACCCTCCAAGCGGTGGGAG--	4
GTAACAGTGGAACCAAAGAGTGCCAATATTCCCAATTATGACCCTCCAAGCAGTGGGAGGA	5
GTAACAATGAACCAAAGAGTGCCAATATTACACGATTATACTCGCTCCAAGCAGTGGGAG--	6
GTAACAATAACCAAAGAATGCCAATATTCCCGATTATGCCCCCTCCAAGCGGTGGGAG--	7
A-AGAATTTCGGCCAGCCAGAGTGCGATGTACCTTTTTCTCTCTCAC-ACCTGAAGCAAATTA	3
A-AGAATTTCGGCCAGCCAGAGTGCGATGTACCTTTTTCTCTCTCAC-ACCTGAAGCAAATTA	4
AGAGAATTTCGGCCAGCCAGAGTGCGATGTGCTTTTTCTCTCTCCAG-ACCTAAAGCAAATTA	5
-GAGAATTTGGCCAGCCAGCGTGCGATGTACCTTTTTCTCTCTCAG-ATTTAAAGCAAATTA	6
-GAGAATTTCGGCCAGCCAGAGTGCGACGTACCTTTTTCTCTCTCTAGACTTTAA--TTAA	7
ATAGACNTAGGTNAATTNTCAGATAGCCCTGATGGYTATATTGATGTTTTACAAGGATTAGGA	3
ATAGACXTAGGTXAATTXTCAGATAGCCCTGATGGXTATATTGATGTTTTACAAGGATTAGGA	4
ACAGACTTAGGTAAATTCTCAGATAACCCCTGATGGCTATATTGATGTTTTACAAGGGTTAGGA	5
ATAGACCTAGGTAAATTCTCAGATAACCCCTGATGGCTATATTGATGTTTTACAAGGGTTAGGA	6
ATAGACCTAGGTAAATTCTCAGATAACCCCTAATGGCTATATTGATGTTTTACAAGGGTTAGGA	7
TTCTGAGTTCTTGCACTAACCTCAAAT	1
CAATCCTTTGATCTGACATGGAGAGATATAATATTACTGCTAAATCAGACGCTAACCTCAAAT	3
CAATCCTTTGATCTGACATGGAGAGATATAATATTACTGCTAAATCAGACGCTAACCTCAAAT	4
CAATTCCTTTGATCTGACATGGAGAGATATAATGTCAGTCTGCTAAATCAGACACTAACCCCAAAT	5
CAATCCTTTGATCTGACATGGAGAGATATAATGTTACTGCTAAATCAGACACTAACCCCAAAT	6
CAATCCTTTGATCTGATATGGAGAGATATAATGTTACTGCTAAATCAGACACTAACCCCAAAT	7
GAGAGAAGTGCCGCCATAACTGCAACCCAAGAGTTTGGCGATCCCTGGTATCTCAGTCAGGTC	1
GAGAGAAGTGCTGCCATAACTGGAGCCCGAGAGTTTGGCAATCTCTGGTATCTCAGTCAGGTC	3
GAGAGAAGTGCTGCCATAACTGGAGCCCGAGAGTTTGGCAATCTCTGGTATCTCAGTCAGGTC	4
GAGAGAAGTGCCACCATAACTGCAGCCTGAGAGTTTGGCGATCTCTGGTATCTCAGTCAGGTC	5
GAAAAAAGTGCTGCCATAACAGCAGCCTGAGAGTTTGGCGAACTCTGGTATCTCAGTCAGGTC	6
GACAGAAGTGTCGCCGTAACCTGGAGCCCGAGAGTTTGGCAATCTCTGGTATCTCAGTCAGGTC	7
AATGACAGGATGACAACAGAGGAAAGATAATGATTCCCCACAGGCCAGCAGGCAGTTCCCAGT	1
AATGATAGGATGACAACGGAGGAAAGAGAACGATTCCCCACAGGGCAGCAGGCAGTTCCCAGT	3
AATGATAGGATGACAACGGAGGAAAGAGAACGATTCCCCACAGGGCAGCAGGCAGTTCCCAGT	4
AATGATAGGATGACAACAGAGGAAAGAGAATGATTCCCCACAGGCCAGCAGGCAGTTCCCAGT	5
AATGATAGGATGACAACAGATGAAAGAGAATGATTCCCCACAGGCCAGCAGGCAGTTCCCAGT	6
AATGATAGGATGACAACAGAGGAAAGAGAACGATTCCCCACAGGCCAGCAGGCAGTTCCCAGT	7
GTAGACCCCTCATTAGGACACAGAATCAGAACATGGAGATTGGTGCCGCAGACATTTGCTAACT	1
AACT	2
GTAGCTCCTCATTGGGACACAGAATCAGAACATGGAGATTGGTGCCGCAGACATTTACTAACT	3
GTAGCTCCTCATTGGGACACAGAATCAGAACATGGAGATTGGTGCCGCAGACATTT	4
CTAGACCCCTCATTGGGACACAGAATCAGAACATGGAGATTGGTGCTGCAGACATTTGCTAACT	5
GTAGACCCCTCATTAGGACACAGAATCAGAACTTGGAGATTGGTGCCACAGACATTTGCTAACT	6
GTAGACCCCTCACTGGGACACAGAATCAGAACATGGAGATTGGTGCCGCAGACATTTGCTAACT	7

FIGURE 9.1

TGCGTGCTAGAAGGACTAAGGAAAACCTAGGAAGA----	1
TGCGTGCTAGAAGGACTAAGGAAAACCTAGGAAGA---CTATGAATTATTCAATGATGTCCACT	2
TGCGTGCTAGAAGGACTAAGGAAAACCTAGGAAGA---CTATGAATTATTCAATGATGTCCACT	3
TGTGTGCTAGAAGGACTAAGGAAAACCTAGGAAGAAGTCTATGAATTACTCAATGATGTCCACA	5
TGCGTGCTAGAAGGACTAAGGAAAACCTAGGAAGAAGCCCATGAATTATTCAATGATGTCCCT	6
TGCGTGCTAGAAGGACTAAGGAAAACCTAGAAAGAAGCCTGTGAGTTATTCAATGATGTCCACT	7
ATAACACAGGGGAAAGGAAGAAAATCCTACTGCCTTTCTGGAGAGACTAAGGGAGGCATTGAG	1
ATAACACAGGGGAAAGGAAGAAAATCCTACTGCCTTTCTGGAGAGACTAAGGGAGGCATTGAG	2
ATAACACAGGGGAAAGGAAGAAAATCCTACTGCCTTTCTGGAGAGACTAAGGGAGGCATTGAG	3
ATAACACAGGG--AAGGGAAGAAAATCCTACTGCCTTTCTGGAGAGACTAAGGGAGGCATTGAG	5
ATAACACAGGG--AAAGGAAGAAAATCCTACTGCCTTTCTGGAGAGACTAAGGGAAGGATTGAG	6
ATAACACAGGG--AAAGGAAGAAAATCCTACCGCCTTTCTGGAGTACTAACGGAGGCATTGAG	7
GAAGCATACC---AGGCAAGTGGACATTGGAGGCTCTGGAAAAGGGAAAAGTTGGGAAAAGTA	1
GAAGCATACC---AGGCAAGTGGACATTGGAGGCTCTGGAAAAGGGAAAAGTTGGGCAAATTG	2
GAAGCATACC---AGGCAAGTGGACATTGGAGGCTCTGGAAAAGGGAAAAGTTGGGCAAATTG	3
GAAGCGTGCC232AGGCAAGTGGACTTTGGAGGCTCTGGAAAAGGGAAAAGCTGGGCAAATTG	5
GAAGCATACC238AGGCAAATGGACTTTGGAGGCTCCAGAAAAGGGAAAAGCTGAGCAAATTG	6
GAAGCATACC233AGGCAAGCGGACTTTGGAGGCACTGGAAAAGGGAAAAGCTAGGCAAATCA	7
TATGTCTAATAGGGCTTGCTTCCAGTGTGGTCTACAAGGACACTTTAAAAAAGATTGTCC-AA	1
AATGCCTAATAGGGCTTGCTTCCAGTGCAGTCTACAAGGACGCTTTAGAAAAGATTGTCC-AA	2
AATGCCTAA	3
AATGCCTAATAGGGCTTGCTTCCAGTGCAGTCTACAAGGACACTTTAAAAAAGATTGTCC-AA	5
AATGCCTAACAGGGCTTGCTTCTAGTGTGGTCTACAAGGACACTTTAAAAAAGATTGTCC-AA	6
AATGCCTAATAGGGTTTGCTTCCAGTGCAGTCTACAAGGACACTTTAAAAAAGATTGTCCAA	7
-TAGAAATAAGCCACCACCTCGTCCATGCCCCCTTATGTCAAGGGAATCACTGGAAGGCCCACT	1
GTAGAAATAAGCCGCCCC-TCGTCCATGCCCCCTTATGTCAAGGGAATCACTGGAAGGCCCTACT	2
GTAGAAGTAAGCCGCCCCCTCGTCCATGCCCCCTTATTTCAAGGGAATCACTGGAAGGCCCACT	5
GTAGAAACAAGCTGCCCCCTTGTCCATGCCCCCTTATGTCAAGGGAATCACTGGAAGGCCCACT	6
-TAGAAATAAGCCGCCCCCTCGTCCATGCACCTCGTGTCAAGGGAATCACTGTAAGGCCCACT	7
GCCCCAGGGGATGAAGGTCCTCTGAGTCAGAAGCCACTAACCAGATGA	1
GCCCCAGGGGACGAAGGTCCTCTGAGTCAGAAGCCACTAACCTGATGA	2
GCCCCAGGGGACAAAGGTCCTCTGAGTCAGAAGCCACTAACCAGATGA	5
GCCCCAGGAGATGAAGGTCCTCTGAGTCAGAAGCCACTAACCAGATAA	6
GCCCCAGGGGACGTAGGTCCTCTGAGTCAGAAGCCACTAACCAGATGA	7

FIGURE 9.2

FIGURE 10

FIGURE 11

FIGURE 12

FIGURE 13

THIS PAGE BLANK (USPTO)